

Document made available under the Patent Cooperation Treaty (PCT)

International application number: PCT/JP05/006222

International filing date: 24 March 2005 (24.03.2005)

Document type: Certified copy of priority document

Document details: Country/Office: JP
Number: 2004-095732
Filing date: 29 March 2004 (29.03.2004)

Date of receipt at the International Bureau: 28 April 2005 (28.04.2005)

Remark: Priority document submitted or transmitted to the International Bureau in compliance with Rule 17.1(a) or (b)



World Intellectual Property Organization (WIPO) - Geneva, Switzerland
Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle (OMPI) - Genève, Suisse

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日
Date of Application: 2 0 0 4 年 3 月 2 9 日

出 願 番 号
Application Number: 特 願 2 0 0 4 - 0 9 5 7 3 2

パリ条約による外国への出願
に用いる優先権の主張の基礎
となる出願の国コードと出願
番号
J P 2 0 0 4 - 0 9 5 7 3 2
The country code and number
of your priority application,
to be used for filing abroad
under the Paris Convention, is

出 願 人
Applicant(s): 独立行政法人科学技術振興機構

2 0 0 5 年 4 月 1 3 日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

小 川



【書類名】	特許願
【整理番号】	P04-0027
【提出日】	平成16年 3月29日
【あて先】	特許庁長官 殿
【国際特許分類】	C07K 14/435
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県市川市若宮 1－13－6
【氏名】	島田 英昭
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区春日 2－5－10 西千葉ヒルズ春日 405号
【氏名】	朝長 毅
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区星久喜町 1063－28
【氏名】	日和佐 隆樹
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区矢作町 540－36
【氏名】	松下 一之
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区汐見が丘 7－15
【氏名】	落合 武徳
【発明者】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市若葉区都賀の台 1－20－11
【氏名】	野村 文夫
【特許出願人】	
【識別番号】	503360115
【氏名又は名称】	独立行政法人科学技術振興機構
【代理人】	
【識別番号】	100091096
【弁理士】	
【氏名又は名称】	平木 祐輔
【選任した代理人】	
【識別番号】	100096183
【弁理士】	
【氏名又は名称】	石井 貞次
【選任した代理人】	
【識別番号】	100118773
【弁理士】	
【氏名又は名称】	藤田 節
【選任した代理人】	
【識別番号】	100120905
【弁理士】	
【氏名又は名称】	深見 伸子
【手数料の表示】	
【予納台帳番号】	015244
【納付金額】	21,000円
【提出物件の目録】	
【物件名】	特許請求の範囲 1
【物件名】	明細書 1
【物件名】	図面 1

【書類名】 特許請求の範囲

【請求項 1】

配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固形癌抗原ポリペプチド。

【請求項 2】

請求項 1 に記載のヒト固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド。

【請求項 3】

配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチド。

【請求項 4】

被験者に由来するサンプル中の 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固形癌診断キット。

【請求項 5】

被験者に由来するサンプル中の 1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌診断キット。

【請求項 6】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が該固形癌抗原ポリペプチド又はその部分ペプチドである、請求項 4 又は 5 記載の固形癌診断キット。

【請求項 7】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項 4 又は 5 記載の固形癌診断キット。

【請求項 8】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が、該固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列からなるポリヌクレオチドを含むプライマー又はプローブである、請求項 4 又は 5 記載の固形癌診断キット。

【請求項 9】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が固相上に固定化されている、請求項 4 ～ 8 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

【請求項 10】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段が標識されている、請求項 4 ～ 9 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

【請求項 11】

固形癌が、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌からなる群より選択されるものである、請求項 4 ～ 10 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

【請求項 12】

サンプルが、血清、血液、血液細胞及び組織からなる群より選択されるものである、請

求項 4 ～ 1 1 のいずれか 1 項に記載の固形癌診断キット。

【請求項 1 3】

1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固形癌の予防又は治療用医薬。

【請求項 1 4】

1 種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72 及び 74 からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌の予防又は治療用医薬。

【請求項 1 5】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項 1 3 又は 1 4 記載の医薬。

【請求項 1 6】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段である、請求項 1 3 又は 1 4 記載の医薬。

【請求項 1 7】

ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段が該固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段である、請求項 1 3 又は 1 4 記載の医薬。

【請求項 1 8】

固形癌治療薬又は固形癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固形癌にターゲティングする手段とを含む、固形癌の予防又は治療用医薬。

【請求項 1 9】

ヒト固形癌にターゲティングする手段が固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体である、請求項 1 8 記載の医薬。

【請求項 2 0】

ヒト固形癌にターゲティングする手段が固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列である、請求項 1 8 記載の医薬。

【書類名】 明細書

【発明の名称】 固形癌診断キット及び固形癌治療用医薬

【技術分野】

【0001】

本発明は、固形癌診断キット及び固形癌の予防又は治療用医薬に関する。

【背景技術】

【0002】

食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等の固形癌はいずれも悪性の腫瘍であり、特に進行性の固形癌は治療が困難で多くの場合に致命的となる。従って、固形癌に対する対策としては癌腫の早期発見が最も重要な課題である。

【0003】

上記の固形癌の診断及び予後の観察には、従来から腫瘍マーカーとしてCEA、CA19-9等が報告され、用いられている。しかしながら、いずれも陽性率は20～30%程度にすぎず、特に早期癌においてはほとんどのマーカーが陰性を示す。また、上述のように進行した固形癌は治療成績が不良であり、早期発見が最も大きな効果をもたらすことから、新規かつ有用な腫瘍マーカーを発見することが期待されている。

【0004】

なお、抗原タンパク質マーカーを用いた分子生物学的診断方法としては、例えば特許公報1～3が知られている。また、担癌患者の腫瘍細胞のmRNAから作製したタンパク質を患者の自己血清でスクリーニングするSEREX法（serological identification of antigens by recombinant expression cloning）が報告され（非特許文献1及び特許文献4）、悪性黒色腫、腎癌、食道癌、大腸癌、肺癌等においてIgG抗体が認識する癌抗原を、上記SEREX法により単離した報告もなされている（非特許文献2～7）。さらに、特許文献5には、SEREX法によって特定した悪性黒色腫抗原タンパク質とそれをコードするDNA配列、並びにこれらを使用した悪性黒色腫の診断方法が開示されている。しかしながら、固形癌の診断精度をさらに向上させるためには、抗原性の高いタンパク質マーカーをより多く準備し、それらを組み合わせて使用することが不可欠である。

【0005】

一方、固形癌の治療方法としては、癌組織の外科的な切除や全身性の抗癌剤投与等が行われている。しかしながら、前記のとおり、進行性に移行した固形癌の場合にはこれらの治療法も効果は少なく、また早期に発見した場合であっても、これらの治療法は患者に大きな身体的負担を負わせるという問題を有している。

【0006】

【特許文献1】 特開平7-51065号公報

【特許文献2】 再表00/060073号公報

【特許文献3】 特表2000-511536号公報

【特許文献4】 米国特許第5,698,396号

【特許文献5】 特開2001-333782号公報

【非特許文献1】 Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92:11810-11813, 1995

【非特許文献2】 Int. J. Cancer 72: 965-971, 1997

【非特許文献3】 Cancer Res. 58:1034-1041, 1998

【非特許文献4】 Int. J. Cancer 29:652-658, 1998

【非特許文献5】 Int. J. Oncol. 14:703-708, 1999

【非特許文献6】 Cancer Res. 56:4766-4772, 1996

【非特許文献7】 Hum. Mol. Genet 6:33-39, 1997

【発明の開示】

【発明が解決しようとする課題】

【0007】

上述したように、固形癌の早期診断のための方法として、癌組織特異的な抗原タンパク

質マーカーを用いた分子生物学的診断方法の有効性が指摘されており、そのための新しい抗原タンパク質マーカーも幾つか提案されている。しかしながら、その診断精度をさらに向上させるためには、抗原性の高いタンパク質マーカーをより多く準備し、それらを組み合わせる使用することが不可欠である。

【０００８】

また、それらの抗原タンパク質マーカーは固形癌組織で優性に発現するため、癌組織のみを標的とする治療法への応用も期待される。

【０００９】

従って、本発明は、新規な固形癌抗原タンパク質、並びに該抗原タンパク質に基づく固形癌診断キット及び固形癌治療剤を提供することを目的とする。

【課題を解決するための手段】

【００１０】

本発明者は、上記課題を解決するため鋭意検討を行った結果、ヒト固形癌に特異的な新規な抗原ポリペプチドを見出し、この抗原ポリペプチドの発現を利用することによって、固形癌を診断し、また固形癌の予防及び治療を行うことができるという知見を得、本発明を完成するに至った。

【００１１】

すなわち、本発明は、配列番号２、４、６、８、１０、１２、１４、１６、１８、２０、２２、２４、２６、２８、３０、３２、３４、３６、３８、４０、４２、４４、４８、５０、５２、５４、５６、５９、６１、６３、６５、６７、６９、７１、７３及び７５からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固形癌抗原ポリペプチドである。

また本発明は、上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドである。

【００１２】

本発明はまた、配列番号１、３、５、７、９、１１、１３、１５、１７、１９、２１、２３、２５、２７、２９、３１、３３、３５、３７、３９、４１、４３、４５、４６、４７、４９、５１、５３、５５、５７、５８、６０、６２、６４、６６、６８、７０、７２及び７４からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドである。

【００１３】

さらに本発明は、被験者に由来するサンプル中の１種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号２、４、６、８、１０、１２、１４、１６、１８、２０、２２、２４、２６、２８、３０、３２、３４、３６、３８、４０、４２、４４、４８、５０、５２、５４、５６、５９、６１、６３、６５、６７、６９、７１、７３及び７５からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固形癌診断キットである。

【００１４】

また本発明は、被験者に由来するサンプル中の１種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含む固形癌診断キットにおいて、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号１、３、５、７、９、１１、１３、１５、１７、１９、２１、２３、２５、２７、２９、３１、３３、３５、３７、３９、４１、４３、４５、４６、４７、４９、５１、５３、５５、５７、５８、６０、６２、６４、６６、６８、７０、７２及び７４からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌診断キットである。

【００１５】

上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段としては、該固形癌抗原ポリペプチド又はその部分ペプチド、該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体、及び該固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列からなるポリヌクレオチドを含むプライマー又はプローブが挙げられる。

【００１６】

また、上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段は、固相上に固定

化されていてもよいし、及び／又は標識されていてもよい。

上記固形癌としては、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌が含まれる。

また上記サンプルは、例えば血清、血液、血液細胞及び組織が含まれる。

【0017】

本発明はまた、1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73及び75からなる群より選択されるアミノ酸配列を有することを特徴とする固形癌の予防又は治療用医薬である。

【0018】

また本発明は、1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段を含む固形癌の予防又は治療用医薬において、該ヒト固形癌抗原ポリペプチドが配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74からなる群より選択される塩基配列を有するポリヌクレオチドによりコードされることを特徴とする固形癌の予防又は治療用医薬である。

【0019】

上記ヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段としては、該固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体、該固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段、及び該固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段が挙げられる。

【0020】

さらに本発明は、固形癌治療薬又は固形癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固形癌にターゲティングする手段とを含む、固形癌の予防又は治療用医薬である。

【0021】

上記ヒト固形癌にターゲティングする手段としては、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体、及び固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列が挙げられる。

【発明の効果】

【0022】

本発明に係る固形癌診断キットにより、固形癌を高精度で診断することができ、固形癌の早期診断に有用である。また、本発明に係る固形癌の予防用医薬又は治療用医薬により、固形癌のみを標的とする治療を行うことが可能となる。

【発明を実施するための最良の形態】

【0023】

以下、本発明を詳細に説明する。

1. 新規なヒト固形癌抗原ポリペプチド

本発明は、ヒト固形癌に特異的な新規抗原ポリペプチドに基づくものである。本発明者らは、大腸癌患者の手術標本の正常部と癌部から患者本人の了解を得てタンパク質を抽出し、二次元電気泳動法（例えば、Electrophoresis 22:3019-3025, 2001）により解析することによって、固形癌細胞において特異的に発現し、従来は腫瘍マーカーとしての機能が知られていなかった20種の抗原ポリペプチド（表1の1～20番に示す）を見出した（実施例1参照）。また食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者の了解を得て採取した血清をSEREX法（非特許文献1、特許文献4）によって解析し、食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者の血清中にのみ存在する19種の特異的抗体に対する抗原ポリペプチド（表1の21～39番に示す）を見出した（実施例2参照）。これらの固形癌抗原ポリペプチドを表1に示す。

【0024】

【表 1】

No.	名称	登録番号	塩基配列	アミノ酸配列	クローン名
1	リンゴ酸デヒドロゲナーゼ 2	NP_005909, NM_005918	1	2	
2	トロポミオシン 4	NP_003281, NM_003290	3	4	
3	FK506 結合タンパク質 4	NP_002005, NM_002014	5	6	
4	シャペロニン含有 TCP1, サブユニット 6A	NP_001753, NM_001762	7	8	
5	セリンプロテアーゼインヒビター, クレイド H, コラーゲン結合タンパク質 1	NP_001226, NM_001235	9	10	
6	硫化物デヒドロゲナーゼ様	NP_067022, NM_021199	11	12	
7	ヒドロキシステロイド(17- β)デヒドロゲナーゼ 4	NP_000405, NM_000414	13	14	
8	ストレス誘導性リンタンパク質 1	NP_006810, NM_006819	15	16	
9	異種核リボ核タンパク質 L	NP_001524, NM_001533	17	18	
10	異種核リボ核タンパク質 U	NP_004492, NM_004501	19	20	
11	マトリン 3	NP_061322, NM_018834	21	22	
12	アネキシン A3	NP_005130, NM_005139	23	24	
13	PTK9L タンパク質チロシンキナーゼ 9 様	NP_009215, NM_007284	25	26	
14	スプライシング因子, アルギニン/セリンリッチ 1	NP_008855, NM_006924	27	28	
15	チオ硫酸スルフトランスフェラーゼ	NP_003303, NM_003312	29	30	
16	S-アデノシルホモシステインヒドロラーゼ	NP_000678, NM_000687	31	32	
17	GDP-マンノース 4,6-デヒドラターゼ	NP_001491, NM_001500	33	34	
18	ヒドロキシアシルデヒドロゲナーゼ, サブユニット A	NP_000173, NM_000182	35	36	
19	プロリル-4-ヒドロキシラーゼ β サブユニット	NP_000909, NM_000918	37	38	
20	ペルオキシレドキシシン 5	NP_036226, NM_012094	39	40	
21	プロゲステロン受容体膜コンポーネント2	NM_006320	41	42	K35-1-1
22	MAP キナーゼ結合セリン/トレオニン キナーゼ2	NM_199054	43	44	K30-1-1
23	EST: 601191782F1	BE264462	45		12N3-1
24	EST: 602301679F1	BG032310	46		12O1-1

25	付加的性櫛類似1	NM_015338	47	48	14A1-1-1
26	フォークヘッドボックス A1	NM_004496	49	50	18G3-1
27	レチノイン酸誘導 16	NM_022749	51	52	19C1-1
28	リケン cDNA 5730528L13 類似遺伝子	NM_080655	53	54	19F1-1
29	リシン tRNA 合成酵素	BC004132	55	56	19F1-2
30	EST: AGENCOURT_15657942	CF597227	57		6BD3-1
31	KDEL 小胞体タンパク質保持受容体1	NM_006801	58	59	14H1-2-1
32	リソソーム結合タンパク質膜貫通4ベータ	NM_018407	60	61	18B2-1
33	タンパク質ホスファターゼ1, 触媒サブユニット、 α アイソフォーム	NM_002708	62	63	18G1-1
34	ペルオキシレドキシン3	NM_006793	64	65	20J4-1
35	アルドケトレダクターゼファミリー1, メンバーC3	NM_003739	66	67	19M2
36	ユビキチン結合酵素 E2I	BC000744	68	69	10Q3-1
37	ホスファチジン酸ホスファターゼ、タイプ 2C	NM_003712	70	71	14A1-1-2
38	ベータカテニン相互作用タンパク質1	NM_020248	72	73	14B1-2-1
39	ソーティングネキシン15	NM_147777	74	75	14H2-1-1

【0025】

なお、本発明において、「ポリペプチド」とは、アミド結合（ペプチド結合）によって互いに結合した複数個のアミノ酸残基から構成された分子を意味し、タンパク質及びペプチドを含む。「ポリヌクレオチド」とは、プリン又はピリミジンが糖に β -N-グリコシド結合したヌクレオチドのリン酸エステル（ATP、GTP、CTP、UTP；又はdATP、dGTP、dCTP、dTTP）が結合した分子をいう。

【0026】

また、表1にそれぞれ示した塩基配列及びアミノ酸配列については、1若しくは数個の塩基の付加、欠失、他の塩基への置換、あるいはこれらの塩基変異に基づく1若しくは数個のアミノ酸残基の付加、欠失及び他のアミノ酸への置換をも包含する。

【0027】

さらに、「血清中抗体」とは、固形癌患者の血清中に存在し、固形癌抗原ポリペプチドと結合する抗体IgGを意味する。また、「抗体」は、固形癌抗原ポリペプチド又はその部分断片を免疫原として作製されたポリクローナル抗体又はモノクローナル抗体を意味する。

【0028】

本発明におけるその他の用語や概念は、発明の実施形態の説明や実施例において詳しく規定する。また本発明を実施するために使用する様々な技術は、特にその出典を明示した技術を除いては、公知の文献等に基づいて当業者であれば容易かつ確実に実施可能である。例えば、本発明に係る医薬を調製するための薬剤の調製はRemington's Pharmaceutical Sciences, 18th Edition, ed. A. Gennaro, Mack Publishing Co., Easton, PA, 1990に、遺伝子工学及び分子生物学的技術はSambrook and Maniatis, Molecular Cloning-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 1989; Ausubel, F. M. et al., Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York, N.Y, 1995等に記載されている。

【0029】

固形癌抗原ポリペプチドとは、表1に示した39種の遺伝子又はEST（Expressed Sequence Tag）が発現するポリペプチドである。これらの遺伝子産物については様々な機能が知られているが、固形癌における特異的発現は知られていない。なお、本発明においては、ESTの発現産物は「配列番号45、46又は57に示した塩基配列からなるポリヌ

クレオチドがコードするポリペプチド」と定義する。

【0030】

なお、実施例に示したように、配列番号1～40に示した遺伝子及びペプチドは二次元電気泳動法によって、配列番号41～75の遺伝子、EST及びペプチドはSEREX法によって特定されたものである。

【0031】

2. 固形癌診断キット

上述の通り、表1に示す固形癌抗原ポリペプチドは、ヒト固形癌において特異的に発現する。従って、被験者由来のサンプルにおいてこの固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することによって、被験者をヒト固形癌について診断することが可能となる。

【0032】

本発明に係る固形癌診断キット（以下、「本固形癌診断キット」ともいう）は、被験者に由来するサンプル中の1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段を含むものである。

【0033】

本固形癌診断キットは、固形癌の診断を行うための試薬キットである。このようなキットは、被検成分の種類に応じて各種のものが市販されており、本固形癌診断キットも、ヒト固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するための手段（固形癌抗原ポリペプチド、抗体、プライマー、プローブなど）を用いることを除き、公知公用のキットに用いられている各要素によって構成することができる。

【0034】

また、本固形癌診断キットにより、固形癌、例えば限定するものではないが、大腸癌、食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等について被験者を診断することが可能である。好ましくは、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌の診断のために用いることができる。

【0035】

ここで固形癌抗原ポリペプチドの発現、タンパク質発現、及びその抗体発現、並びにその遺伝子の発現を検出する手段としては、

- (1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体
 - (2) 固形癌抗原ポリペプチド
 - (3) 固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドに基づいて設計されたプローブ又はプライマー
- が挙げられる。以下、これらの手段について詳述する。

【0036】

- (1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、癌において発現された固形癌抗原ポリペプチドと結合することができるため、該抗体を用いてサンプル中の固形癌抗原ポリペプチドとの反応を検出することによって、該サンプルが癌患者又はハイリスク者に由来するか否かを診断することができる。

【0037】

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、ポリクローナル抗体又はモノクローナル抗体であり、それぞれ固形癌抗原ポリペプチドのエピトープに結合することができる全体分子、及びFab、F(ab')₂、Fv断片等が全て含まれる。このような抗体は、例えばポリクローナル抗体の場合には、抗原ポリペプチドやその一部断片を免疫原として動物を免疫した後、血清から得ることができる。あるいは、上記の真核細胞用発現ベクターを注射や遺伝子銃によって、動物の筋肉や皮膚に導入した後、血清を採取することによって作製することができる。動物としては、マウス、ラット、ウサギ、ヤギ、ニワトリなどが用いられる。

【0038】

また、モノクローナル抗体は、公知のモノクローナル抗体作製法（「単クローン抗体」

、長宗香明、寺田弘共著、廣川書店、1990年；"Monoclonal Antibody" James W. Goding, third edition, Academic Press, 1996) に従い作製することができる。

【0039】

また固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体には、標識物質によって標識化された抗体も含まれる。そのような標識化抗体の詳細については、上記を参照されたい。

【0040】

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体を用いて被験者由来のサンプル中の固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出し、ヒト固形癌を診断する場合には、被験者のサンプル中に、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体又はその標識化抗体と結合する抗原ポリペプチドが存在するか否かを試験し、サンプル中にその抗原ポリペプチドが存在する被験者を固形癌患者又はそのハイリスク者と判定する。すなわち、ここで使用する抗体又は標識化抗体は、固形癌細胞で発現している抗原ポリペプチドと特異的に結合する抗体であるから、この抗体と結合する抗原ポリペプチドを含むサンプルを、固形癌患者又はそのハイリスク患者の試料として判定することができる。なおその際に、好ましくは2種類以上、好ましくは5種類以上、さらに好ましくは10種類以上、最も好ましくは15-39種類の抗体についてサンプル中の抗原ポリペプチドとの結合を判定する。また、サンプルとしては、固形癌抗原ポリペプチドが発現されるサンプルであれば特に限定されるものではなく、血液や血液細胞（単核球等）、組織を対象とすることができる。

【0041】

また別の態様は、抗体と抗原ポリペプチドとの結合を液相系において行う方法である。例えば、標識化抗体とサンプルとを接触させて標識化抗体と抗原ポリペプチドを結合させ、この結合体を上記と同様の方法で分離し、標識シグナルを同様の方法で検出する。

【0042】

液相系での診断の別の方法は、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体（一次抗体）とサンプルとを接触させて一次抗体と抗原ポリペプチドを結合させ、この結合体に標識化抗体（二次抗体）を結合させ、この三者の結合体における標識シグナルを検出する。あるいは、さらにシグナルを増強させるためには、非標識の二次抗体を先ず抗体＋抗原ポリペプチド結合体に結合させ、この二次抗体に標識物質を結合させるようにしてもよい。このような二次抗体への標識物質の結合は、例えば二次抗体をビオチン化し、標識物質をアビジン化しておくことによって行うことができる。あるいは、二次抗体の一部領域（例えば、Fc領域）を認識する抗体（三次抗体）を標識し、この三次抗体を二次抗体に結合させるようにしてもよい。なお、一次抗体と二次抗体は、両方ともモノクローナル抗体を用いることもでき、あるいは、一次抗体と二次抗体のいずれか一方をポリクローナル抗体とすることもできる。液相からの結合体の分離やシグナルの検出は上記と同様とすることができる。

【0043】

また別の態様は、抗体と抗原ポリペプチドとの結合を固相系において試験する方法である。この固相系における方法は、極微量の抗原ポリペプチド検出と操作の簡便化のため好ましい方法である。すなわちこの固相系の方法は、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体（一次抗体）を固相（樹脂プレート、メンブレン、ビーズ等）に固定化し、この固定化抗体に抗原ポリペプチドを結合させ、非結合ペプチドを洗浄除去した後、プレート上に残った抗体＋抗原ポリペプチド結合体に標識化抗体（二次抗体）を結合させ、この二次抗体のシグナルを検出する方法である。この方法は、いわゆる「サンドイッチ法」と呼ばれる方法であり、マーカーとして酵素を用いる場合には、「ELISA (enzyme linked immunosorbent assay)」として広く用いられている方法である。一次抗体と二次抗体は、両方ともモノクローナル抗体を用いることもでき、あるいは、一次抗体と二次抗体のいずれか一方をポリクローナル抗体とすることもできる。シグナルの検出は上記と同様とすることができる。

【0044】

(2) 固形癌抗原ポリペプチド

固形癌抗原ポリペプチドは、癌細胞が発現するポリペプチドであるため、癌を有する患者の血清中には、発現された固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体（血清中抗体）が存在する。従って、固形癌抗原ポリペプチドを使用して血清中抗体との反応を調べることによって、被験者における固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することができる。この固形癌抗原ポリペプチドとしては、表1に示す抗原ポリペプチド又はその部分ペプチドを用いることができる。本明細書中、「抗原ポリペプチド」には、表1に示す抗原ポリペプチドのほか、表1に示す抗原ポリペプチドのうち少なくとも6個以上のアミノ酸、好ましくは6～500、より好ましくは8～50アミノ酸からなる部分ペプチドも含まれる。

【0045】

これらの抗原ポリペプチドは、例えば、表1に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドを含む組換え発現ベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行うことによりインビトロでペプチドを発現させることにより調製することができる。また組換え発現ベクターを大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞に導入して形質転換細胞を作製すれば、この形質転換細胞からポリペプチドを発現させることができる。

【0046】

抗原ポリペプチドをインビトロ翻訳で発現させる場合には、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに挿入して組換え発現ベクターを作製し、このベクターを、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含むウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加すれば、抗原ポリペプチドをインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBlue script IIなどが例示できる。

【0047】

抗原ポリペプチドを、大腸菌などの微生物で発現させる場合には、微生物中で複製可能な複製起点、プロモーター、リボソーム結合部位、DNAクロニング部位、ターミネーター等を有するベクターにポリヌクレオチドを連結した発現ベクターを作製し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養すれば、そのポリヌクレオチドがコードしている抗原ポリペプチドを微生物から発現させることができる。この際、他のタンパク質との融合タンパク質として発現させることもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBlue script II、pET発現系、pGEX発現系などが例示できる。

【0048】

抗原ポリペプチドを、真核細胞で発現させる場合には、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに挿入して組換えベクターを作製し、真核細胞内に導入すれば、抗原ポリペプチドを形質転換真核細胞で発現させることができる。発現ベクターとしては、pKA1、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pcDNA3、pMSG、pYES2などが例示できる。また、pIND/V5-His、pFLAG-CMV-2、pEGFP-N1、pEGFP-C1などを発現ベクターとして用いれば、Hisタグ、FLAGタグ、mycタグ、HAタグ、GFPなど各種タグを付加した融合タンパク質として抗原ポリペプチドを発現させることもできる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、抗原ポリペプチドを発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リボソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0049】

抗原ポリペプチドを原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的の抗原ポリペプチドを単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせることができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどが挙げられる。

【0050】

なお、以上の方法によって得られる組換え抗原ポリペプチドには、他の任意のタンパク質との融合タンパク質も含まれる。例えば、グルタチオン-S-トランスフェラーゼ（GST）や緑色蛍光蛋白質（GFP）との融合蛋白質などが例示できる。さらに、形質転換細胞で発現されたペプチドは、翻訳された後、細胞内で各種修飾を受ける場合がある。したがって、修飾されたペプチドも抗原ポリペプチドとして用いることができる。このような翻訳後修飾としては、N末端メチオニンの脱離、N末端アセチル化、糖鎖付加、細胞内プロテアーゼによる限定分解、ミリスチル化、イソプレニル化、リン酸化などが例示できる。

【0051】

固形癌抗原ポリペプチドを用いて、被験者由来のサンプルにおける固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するためには、被験者のサンプル（血清）中に、固形癌抗原ポリペプチドと結合する血清中抗体が1種類以上存在するか否かを試験する。そして血清中にその抗体が存在する被験者を固形癌患者又は固形癌ハイリスク者と判定する。すなわち、固形癌抗原ポリペプチドは、固形癌患者に由来する血清中抗体（IgG）と結合するポリペプチドであるから、被験者の血清と反応させた結果、サンプルがこれらの抗原ポリペプチドと結合する血清中抗体を含む場合には、固形癌患者又はそのハイリスク患者のサンプルとして判定することができる。なおその際に、2種類以上、好ましくは5種類以上、さらに好ましくは10種類以上、最も好ましくは15～39種類の抗原ポリペプチドについて抗体との結合を判定する。またさらに、すでに知られている他の固形癌マーカー（例えば、CEA、Cyfra、SCC-Agなど）を併用することもできる。また、サンプルとしては、血清中抗体が含まれるサンプル、すなわち血清を対象とすることができる。

【0052】

本固形癌診断キットを用いた具体的な診断は、例えば固形癌診断キットに含まれる固形癌抗原ポリペプチドに被験者血清を接触させ、該固形癌抗原ポリペプチドと被験者血清中のIgG抗体とを液相中において反応させることにより行う。さらに血清中のIgG抗体と特異的に結合する標識化IgG抗体を反応させて、標識化IgG抗体のシグナルを検出すればよい。標識化抗体に使用する標識としては、酵素、放射性同位体又は蛍光色素を使用することができる。酵素は、代謝回転数が大きいこと、抗体と結合させても安定であること、基質を特異的に着色させる等の条件を満たすものであれば特段の制限はなく、通常の酵素免疫アッセイ（EIA）に用いられる酵素、例えば、ペルオキシダーゼ、 β -ガラクトシダーゼ、アルカリフォスファターゼ、グルコースオキシダーゼ、アセチルコリンエステラーゼ、グルコース-6-リン酸化脱水素酵素、リンゴ酸脱水素酵素等を用いることもできる。また、酵素阻害物質や補酵素等を用いることもできる。これら酵素と抗体との結合は、マレイミド化合物等の架橋剤を用いる公知の方法によって行うことができる。基質としては、使用する酵素の種類に応じて公知の物質を使用することができる。例えば酵素としてペルオキシダーゼを使用する場合には、3,3',5,5'-テトラメチルベンジシンを、また酵素としてアルカリフォスファターゼを用いる場合には、パラニトロフェノール等を用いることができる。

【0053】

酵素を用いる場合には、酵素作用によって分解して発色する基質を加え、基質の分解量を光学的に測定することによって酵素活性を求め、これを結合抗体量に換算し、標準値との比較から抗体量が算出される。

【0054】

放射性同位体としては、 ^{125}I や ^3H 等の通常のラジオイムノアッセイ（RIA）で用いられているものを使用することができる。放射性同位体を用いる場合には、放射性同位体の発する放射線量をシンチレーションカウンター等により測定する。

【0055】

蛍光色素としては、フルオレッセンスイソチオシアネート（FITC）やテトラメチルローダミンイソチオシアネート（TRITC）等の通常の蛍光抗体法に用いられるものを使用することができる。蛍光色素を用いる場合には、蛍光顕微鏡を組み合わせた測定装置によって蛍光量を測定すればよい。

【0056】

さらにまた、標識化抗体には、マンガンや鉄等の金属を結合させたものも含まれる。このような金属結合抗体を体内に投与し、MRI等によって金属を測定することによって、血清中抗体の存在、すなわち固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することができる。

【0057】

シグナルの検出は、例えば、ウエスタンブロット分析を採用することができる。あるいは、抗原ポリペプチド＋血清中抗体＋標識化IgG抗体の結合体を、公知の分離手段（クロマト法、塩析法、アルコール沈殿法、酵素法、固相等）によって分離し、標識化IgG抗体のシグナルを検出するようにしてもよい。

【0058】

また、抗原ポリペプチドの1種類以上を固相（プレート、メンブレン、ビーズ等）上に固定化し、この固相上において被験者血清の抗体との結合を試験することもできる。抗原ポリペプチドを固相上に固定化することによって、未結合の標識化結合分子を容易に除去することができる。また特に、数十種類の抗原ポリペプチドを固定化したメンブレンを用いるプロテインアレイ法では、0.01ml程度の被験者血清を用いて多種類の抗体の発現を短時間で解析することができる。

【0059】

（3）プライマー又はプローブ

本固形癌診断用キットは、表1に示す固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの全部若しくは一部の配列又はその相補配列を含むプライマー又はプローブを含むものであってもよい。該プライマー又はプローブは、被験者由来のサンプル中に発現している抗原ポリペプチドのmRNA又はmRNAから合成したcDNAと特異的に結合して、サンプル中の抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の発現、すなわち抗原ポリペプチドの発現を検出することが可能である。

【0060】

プライマー及びプローブは、当業者に公知の手法に従って、抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74の各塩基配列に基づき設計することができる。プライマー及びプローブ設計の留意点として、例えば以下を指摘することができる。

【0061】

プライマーとして実質的な機能を有する長さとしては、10塩基以上が好ましく、さらに好ましくは16～50塩基であり、さらに好ましくは20～30塩基である。またプローブとして実質的な機能を有する長さとしては、10塩基以上が好ましく、さらに好ましくは16～50塩基であり、さらに好ましくは20～30塩基である。

【0062】

また設計の際には、プライマー又はプローブの融解温度（ T_m ）を確認することが好ましい。 T_m とは、任意のポリヌクレオチド鎖の50%がその相補鎖とハイブリッドを形成する温度を意味し、鋳型DNA又はRNAとプライマー又はプローブとが二本鎖を形成してアニーリング又はハイブリダイズするためには、アニーリング又はハイブリダイゼーションの温度を最適化する必要がある。一方、この温度を下げすぎると非特異的な反応が起

こるため、温度は可能な限り高いことが望ましい。従って、設計しようとするプライマー又はプローブのT_mは、増幅反応又はハイブリダイゼーションを行う上で重要な因子である。T_mの確認には、公知のプライマー又はプローブ設計用ソフトウェアを利用することができ、本発明で利用可能なソフトウェアとしては、例えばOligo T_M [National Bioscience Inc. (米国) 製]、GENETYX [ソフトウェア開発(株) (日本) 製] 等などが挙げられる。またT_mの確認は、ソフトウェアを使わず、自ら計算することによっても行うことができる。その場合には、最近接塩基対法 (Nearest Neighbor Method)、Wallance法、GC%法等に基づく計算式を利用することができる。本発明では、平均T_mが約45～55℃であることが好ましい。

【0063】

プライマー又はプローブとして特異的なアニーリング又はハイブリダイズが可能な条件としては、その他にもGC含量などがあり、そのような条件は当業者に周知である。

【0064】

上述のように設計したプライマー及びプローブは、当業者に公知の方法に従って調製することができる。さらに、当業者には周知のように、プライマー又はプローブには、アニーリング又はハイブリダイズする部分以外の配列、例えばタグ配列などの付加配列が含まれていてもよく、上述したプライマー又はプローブにそのような付加配列が付加されたものも本発明の範囲内に含まれるものとする。

【0065】

被験者由来のサンプルにおける固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出するためには、上記プライマー及び／又はプローブをそれぞれ増幅反応又はハイブリダイゼーション反応において用い、その増幅産物又はハイブリッド産物を検出する。

【0066】

サンプルとしては、便や血液、血液細胞(単核球等)を対象とすることができる。また増幅反応又はハイブリダイゼーション反応を行う場合には、通常は、被験者由来のサンプルから被検核酸を調製する。被検核酸は、核酸であればDNA又はRNAのいずれでもよい。DNA又はRNAは、当技術分野で周知の方法を適宜使用して抽出することができる。例えば、DNAを抽出する場合には、フェノール抽出及びエタノール沈殿を行う方法、ガラスビーズを用いる方法など、またRNAを抽出する場合には、グアニジン塩化セシウム超遠心法、ホットフェノール法、又はチオシアン酸グアニウムフェノールクロロホルム(AGPC)法などを利用することができる。以上のように調製したサンプル又は被検核酸を用いて、以下に示す増幅反応及び／又はハイブリダイゼーション反応を行う。

【0067】

プライマーを用いて被検核酸を鋳型とした増幅反応を行い、その特異的増幅反応を検出することにより、サンプル中の固形癌抗原ポリペプチドの発現の検出を行うことができる。

【0068】

増幅手法としては、特に限定されないが、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)法の原理を利用した公知の方法を挙げることができる。例えば、PCR法、LAMP (Loop-mediated isothermal Amplification) 法、ICAN (Isothermal and Chimeric primer-initiated Amplification of Nucleic acids) 法、RCA (Rolling Circle Amplification) 法、LCR (Ligase Chain Reaction) 法、SDA (Strand Displacement Amplification) 法等を挙げることができる。増幅は、増幅産物が検出可能なレベルになるまで行う。

【0069】

例えば、PCR法は、被検核酸であるDNAを鋳型として、DNAポリメラーゼにより、一対のプライマー間の塩基配列を合成するものである。PCR法によれば、変性、アニーリング及び合成からなるサイクルを繰り返すことによって、増幅断片を指数関数的に増幅させることができる。PCRの最適条件は、当業者であれば容易に決定することができる。

【0070】

またR T-P C R法では、まず、被検核酸であるR N Aを鋳型として、逆転写酵素反応によりc D N Aを作製し、その後、作製したc D N Aを鋳型として一対のプライマーを用いてP C R法を行うものである。

【0071】

なお、増幅手法として競合P C R法やリアルタイムP C R法等の定量的P C R法などを採用することにより、定量的な検出が可能となる。

【0072】

上記増幅反応後に特異的な増幅反応が起こったか否かを検出するには、増幅反応により得られる増幅産物を特異的に認識することができる公知の手段を用いることができる。例えば、アガロースゲル電気泳動法等を利用して、特定のサイズの増幅断片が増幅されているか否かを確認することにより、特異的な増幅反応を検出することができる。

【0073】

あるいは、増幅反応の過程で取り込まれるd N T Pに、放射性同位体、蛍光物質、発光物質などの標識体を作用させ、この標識体を検出することができる。放射性同位体としては、 ^{32}P 、 ^{125}I 、 ^{35}S などを用いることができる。また蛍光物質としては、例えば、フルオレセン（F I T C）、スルホローダミン（S R）、テトラメチルローダミン（T R I T C）などを用いることができる。また発光物質としてはルシフェリンなどを用いることができる。

【0074】

これら標識体の種類や標識体の導入方法等に関しては、特に制限されることはなく、従来公知の各種手段を用いることができる。例えば標識体の導入方法としては、放射性同位体を用いるランダムプライム法が挙げられる。

【0075】

標識したd N T Pを取り込んだ増幅産物を観察する方法としては、上述した標識体を検出するための当技術分野で公知の方法であればいずれの方法でもよい。例えば、標識体として放射性同位体を用いた場合には、放射活性を、例えば液体シンチレーションカウンター、γ-カウンターなどにより計測することができる。また標識体として蛍光を用いた場合には、その蛍光を蛍光顕微鏡、蛍光プレートリーダーなどを用いて検出することができる。

【0076】

以上のようにして特異的な増幅反応が検出された場合には、サンプル中に固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子が発現している、すなわち固形癌抗原ポリペプチドが発現していることとなる。従って、サンプル中に抗原ポリペプチドが発現している被験者を固形癌患者又はハイリスク者と診断する。

【0077】

また、プローブを用いてサンプル又は被検核酸に対するハイブリダイゼーション反応を行い、その特異的結合（ハイブリッド）を検出することにより、固形癌抗原ポリペプチドの発現を検出することもできる。

【0078】

ハイブリダイゼーション反応は、プローブが固形癌抗原ポリペプチドに由来するポリヌクレオチドのみと特異的に結合するような条件、すなわちストリンジেন্টな条件下で行う必要がある。そのようなストリンジেন্টな条件は当技術分野で周知であり、特に限定されない。ストリンジেন্টな条件としては、例えばナトリウム濃度が、 $10\sim300\text{mM}$ 、好ましくは $20\sim100\text{mM}$ であり、温度が $25\sim70^{\circ}\text{C}$ 、好ましくは $42\sim55^{\circ}\text{C}$ における条件が挙げられる。

【0079】

ハイブリダイゼーションを行う場合には、プローブに蛍光標識（フルオレセイン、ローダミンなど）、放射性標識（ ^{32}P など）、酵素標識（アルカリホスファターゼ、西洋ワサビパーオキシダーゼ等）、ビオチン標識等の適当な標識を付加することができる。従って

、本固形癌診断用キットには、上記のような標識を付加したプローブも含まれる。

【0080】

標識化プローブを用いた検出は、サンプル又はそれから調製した被検核酸とプローブとをハイブリダイズ可能なように接触させることを含む。「ハイブリダイズ可能なように」とは、上述したストリンジェントな条件下にて特異的な結合が起こる環境（温度、塩濃度）において、ということである。具体的には、サンプル又は被検核酸をスライドガラス、メンブラン、マイクロタイタープレート等の適当な固相に固定化し、標識を付加したプローブを添加することにより、プローブとサンプル又は被検核酸とを接触させてハイブリダイゼーション反応を行い、ハイブリダイズしなかったプローブを除去した後、サンプル又は被検核酸とハイブリダイズしているプローブの標識を検出する。標識が検出された場合には、サンプル中に固形癌抗原ポリペプチドが発現していることとなる。従って、サンプル中に抗原ポリペプチドが発現している被験者を固形癌患者又はハイリスク者と診断する。

【0081】

また、標識の濃度を指標とすることにより、定量的な検出も可能となる。標識化プローブを用いた検出方法の例としては、サザンハイブリダイゼーション法、ノーザンハイブリダイゼーション法、FISH（蛍光 i n s i t u ハイブリダイゼーション）法等を挙げることができる。

【0082】

また、本固形癌診断キットを用いて診断を行う場合には、被験者に由来するサンプル中の固形癌抗原ポリペプチドの発現量を測定し、1種以上の固形癌抗原ポリペプチドの発現が健常者のそれらと比較して多い被験者を固形癌患者又はそのハイリスク者と判定する。具体的な判定基準としては、被験者の固形癌抗原ポリペプチド発現量が健常者のそれと比較して、10%以上、好ましくは30%以上、さらに好ましくは70%以上、最も好ましくは100%以上である場合である。

【0083】

3. 固形癌の予防又は治療用医薬

3. 1. 固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現抑制

固形癌抗原ポリペプチドは、固形癌において特異的に発現するものであるため、その発現が細胞の癌化の原因となっている可能性が高い。そのため、固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制すれば、細胞の癌化やその進行に対する治療効果が期待される。

【0084】

従って、上記の1種以上のヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能及び発現を抑制するための手段は、固形癌の予防及び／又は治療用医薬として有効である。

【0085】

かかるヒト固形癌抗原ポリペプチドの機能又は発現を抑制するための手段としては、

- (1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体
 - (2) 固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段
 - (3) 固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段
- が挙げられる。

【0086】

(1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、被験者における固形癌抗原ポリペプチドと特異的に結合することにより、該抗原ポリペプチドの活性を抑制することができる。従って、固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体を含む医薬は、固形癌の治療又は予防に有効である。

【0087】

(2) 固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制可能な手段

固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制する手段としては、対象となる被験者における当該遺伝子の転写プロモーター領域を転写抑制型プロモーターと置換す

るために用いることが可能な発現ベクターが挙げられる。また、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の転写を抑制する手段としては、当該遺伝子の転写に関わる領域に転写抑制活性のある塩基配列を挿入するための発現ベクターを用いてもよい。上記のような発現ベクターの設計及び調製は当業者には周知である。

【0088】

(3) 固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制可能な手段

また、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制する手段としては、いわゆるアンチセンスRNAを用いる方法が挙げられる。すなわち、当該遺伝子のmRNAに対するアンチセンスRNAを転写する遺伝子を、プラスミドとして導入するか又は被験者のゲノムに組み込み、当該アンチセンスRNAを過剰発現させることで、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子のmRNAの翻訳が抑制される。アンチセンスRNAに関する技術は、例えば哺乳動物を宿主とした場合でも知られている(Han et al. (1991) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88, 4313-4317; Hackett et al. (2000) Plant Physiol., 124, 1079-86)。

【0089】

また、固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の翻訳を抑制するために、RNA干渉(RNA interference)を利用することも可能である。具体的には、標的とする固形癌抗原ポリペプチドをコードする遺伝子の塩基配列に相補的な二本鎖RNAを細胞内に導入すると、固形癌抗原ポリペプチドをコードする内在性遺伝子のmRNAが分解されて、結果としてその細胞での遺伝子発現が特異的に抑制されることとなる。この手法は、哺乳動物細胞などにおいても確認されている(Hannon, G.J., Nature (2002) 418, 244-251 (review); 特表2002-516062号公報; 特表平8-506734号公報)。

【0090】

3. 2. 固形癌に対するターゲティング

固形癌抗原ポリペプチドは、固形癌において特異的に発現するものであるため、この特異的発現を利用して固形癌にターゲティングする手段を用いることによって、固形癌治療薬を癌部位で有効に作用させることが可能となる。

【0091】

従って、上記の固形癌にターゲティングする手段もまた、固形癌の予防及び／又は治療用医薬として有効であり、本発明に係る固形癌の予防又は治療用医薬は、固形癌治療薬又は固形癌治療薬をコードする遺伝子とヒト固形癌にターゲティングする手段とを含むものである。

【0092】

かかるヒト固形癌にターゲティングする手段としては、

(1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

(2) 固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列が挙げられる。

【0093】

(1) 固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体

固形癌抗原ポリペプチドに対する抗体は、癌細胞で特異的に発現する抗原ポリペプチドに結合するため、この抗体に公知の固形癌治療薬(例えば抗癌剤や免疫増強剤)を結合させて患者体内に投与することによって、固形癌治療薬を癌細胞特異的に作用させることができる。

【0094】

(2) 固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域の塩基配列

固形癌抗原ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドの発現制御領域(以下、「プロモーター配列」と記載する)は、固形癌細胞で特異的に発現する遺伝子の発現制御領域であるため、このプロモーター配列に固形癌治療薬をコードするポリヌクレオチドを連結して治療用遺伝子を作製し、これを体内に投与すれば、治療用遺伝子を癌細胞特異的に発現

させることが可能となる。抗癌作用を有する物質又は抗癌作用を有する物質の前駆物質をコードするポリヌクレオチドとしては、例えば p 5 3、単純ヘルペスウイルスチミジンキナーゼ、インターロイキン-2、-12、-17、-18、シトシンデアミナーゼ、ウラシルホスホリボシルトランスフェラーゼ等をコードする遺伝子DNAやそのcDNA等を利用することができる。また、このプロモーター配列は、アデノウイルスやヘルペスウイルスを癌細胞特異的に増殖させて癌細胞を融解させる治療法に使用することもできる。すなわち、例えばアデノウイルスのE1A領域の前にプロモーター配列を挿入することによって、このアデノウイルスは癌細胞においてのみ特異的に増殖し、癌細胞を融解させる。

【0095】

3. 3. 医薬の適用対象及び投与

本発明の医薬の適用対象となる固形癌は、大腸癌、食道癌、胃癌、肺癌、腎癌、甲状腺癌、耳下腺癌、頭頸部癌、骨・軟部肉腫、尿管癌、膀胱癌、子宮癌、肝癌、乳癌、卵巣癌、卵管癌等が挙げられ、特に限定はされないが、大腸癌、食道癌、胃癌及び乳癌である。

【0096】

本発明の医薬は、上記固形癌の発症を予防することを目的として、あるいは上記固形癌患者又は固形癌のリスクが高いと診断された患者に対しては症状の悪化の防止又は症状の軽減などを目的として投与することができる。

【0097】

上記の手段を固形癌の治療及び／又は予防のための医薬として用いる場合には、薬学的に許容され得る担体と配合して医薬組成物として用いることもできる。このときの有効成分の担体に対する割合は、1～90%の間で適宜調整すればよい。

【0098】

本発明の医薬の投与形態としては、通常の静脈内、動脈内等の全身投与のほか、癌原病巣に対して又は癌腫に対応した予想転移部位に対して局所注射等の局所投与を行うことが好ましい。

【0099】

本発明の医薬の投与量は、年齢、性別、症状、投与経路、投与回数、剤形によって異なり、これらは当業者又は医師が適宜調整すればよい。

【実施例】

【0100】

以下、実施例を用いて本方法をより詳細に説明するが、本発明の技術的範囲はこれら実施例に限定されるものではない。

【0101】

〔実施例1〕二次元電気泳動による大腸癌抗原ポリペプチドの同定

〔1〕材料と方法

患者（6例）の了解のもと、大腸癌摘出直後の癌部及び非癌部組織のそれぞれから凍結標本を採取し、-80℃に保存した。この凍結標本の適量を9.5M Urea、2% CHAPS、1% DTT、プロテアーゼインヒビターコンプリート（ロッシュ）溶液中でホモジェナイズした後、超高速遠心器（日立）で100,000gにて遠心し、上清（タンパク質溶液）を抽出し、吸光度によりタンパク質濃度を同定した。

【0102】

癌部及び非癌部組織から得られたタンパク質それぞれ400μgを一次元目はアガロース等電点電気泳動で、二次元目は12%又は6～10%Tris/Glycine SDSポリアクリルアミドゲル電気泳動で分離した。分離されたタンパク質をクーマシーブリリアントブルーR250で染色し、非癌部組織に比較して癌部組織で発現量が増大しているスポットを検出した。このスポットからゲルを切り出し、ゲル中に含まれているタンパク質をトリプシン（ロッシュ）により消化し、得られたペプチドを回収し、イオントラップ型質量分析器（サーモクエスト社LCQ DECA XP）によりアミノ酸配列を決定した。

【0103】

〔2〕結果

結果を図1A及びBに示す。6例の大腸癌患者の癌組織(tumor)及び正常組織(Normal)を比較したところ、6例中4例以上の癌組織において、配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38及び40に示されるアミノ酸配列を有するタンパク質の特異的発現が確認された。図1A及びB中、丸で囲んだタンパク質を示している番号は、表1の1～20の各抗原ポリペプチドに対応する。

【0104】

これらのタンパク質をコードする塩基配列は、それぞれ配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37及び39に示され、それぞれの遺伝子は表1に示したとおりである。

【0105】

〔実施例2〕SEREX法による固形癌抗原ポリペプチドの特定

〔1〕cDNAライブラリーの作製

ヒト食道癌由来の細胞株T.Tnを、カナマイシン(100 μ g/ml)を添加した10%のウシ胎児血清を含むDMEM培地で培養した。これらの培養細胞からグアニジウムチオシアネート-フェノールクロロホルム抽出法によりトータルRNA(250 μ g)を単離し、oligo-dT(Oligotex-dT30 super, TAKARA社)を用いたポリ(A)セレクションを2回行い、mRNAを精製した。この得られたmRNA(5.7 μ g)を用いて各細胞のcDNAライブラリーを構築した。一本鎖cDNAは、XhoIリンカープライマーと5-メチル-dCTPを用いて合成した。この一本鎖cDNAからT4 DNAポリメラーゼにより平滑末端を有する二本鎖cDNAを合成し、この二本鎖cDNAの両端に制限酵素サイト(EcoRI/ λ ZAP II)を含むリンカーを付加した。cDNAフラグメントをバクテリオファージ(Stratagene社)に挿入し、それぞれの癌細胞について、約1.8 $\times 10^6$ 個のクローンからなるcDNAライブラリーを作製した。

【0106】

〔2〕cDNAライブラリーのスクリーニング

上記で作製した各癌細胞のcDNAライブラリーの各ファージベクターを大腸菌XL1-B1ueに感染させ、NZYアガロースプレート上でプラークを形成させた。各感染大腸菌に対して、10mMのIPTG処理により発現誘導し、各cDNAがコードするペプチドを発現させた。このペプチドをニトロセルロース膜(NitroBind: Osmonics社)に転写し、TBS[0.5%のTween 20を含むTBS(10mMのTris-HCl、150mMのNaCl; pH 7.5)]で膜を洗浄して吸着したバクテリオファージを除去した後、1%のアルブミンを含むTBS-Tweenにて非特異反応を抑制した。このフィルターを食道癌、胃癌、大腸癌及び乳癌患者血清と室温でそれぞれ2時間反応させた。

【0107】

血清は、患者から単離した後、-80 $^{\circ}$ Cで保存し、使用直前に1重量%のアルブミンを含むTBS-Tween(0.5%のポリオキシエチレンソルビタンモノラウレートを含むTBS-Tween)溶液で500倍に最終的に希釈したものをを用いた。この希釈した血清を、大腸菌のライセートと1:5の割合で混合し、4 $^{\circ}$ Cで8時間放置後、15,000回転にて20分間遠心し、上清を回収したものをを用いた。また、必要に応じて無処理の血清を2000倍に希釈して用いた。

【0108】

血清と、上記の発現ペプチドをブロットしたニトロセルロース膜とを室温で10～20時間反応させて血清中の抗体が反応したポリペプチドを特定した。すなわち、二次抗体として5000倍に希釈したアルカリフォスファターゼ標識抗ヒトIgG-F(ab')₂ヤギ抗体(Jackson社)を用いて反応させ、ニトロブルーテトラゾリウム(Wako社)と5-ブプロモ-4-クロロ-3-インドリルホスフェート(Wako社)を用いた酵素発色反応により標識シグナルを検出し、発色反応陽性部位に一致するコロニーをアガロースプレート上から採取し、SM緩衝液(100mMのNaCl、10mMのMgSO₄、50mMの

Tris-HCl; pH 7.5) に溶解させた。発色反応陽性コロニーが単一化するまで上記と同様の方法で、二次、三次スクリーニングを繰り返し、5名の患者の血清中のIgGと反応するファージクローンをスクリーニングして、陽性クローンを単離した。

【0109】

【3】新規抗原の特定

得られた陽性クローンから、PCR法によりインサートDNAを複製し、得られた産物を、Big Dye DNA Sequencing Kit (ABI社) とABI Prism (Perkin Elmer社) とを用いて配列決定した。既存データベースを用いて検索した結果、既知の癌関連遺伝子の発現産物である抗原ポリペプチドを除き、さらに複数の患者の血清中抗体と反応する19種の新規抗原ポリペプチドを特定した。この新規抗原ポリペプチドの抗体陽性率を表2に示す。

【0110】

【表2】

No.	クローン名	名称	登録番号	抗体陽性率(%)					
				食道癌患者	早期食道癌患者	大腸癌患者	胃癌患者	乳癌患者	健常者
1	K35-1-1	プロゲステロン受容体膜コンポーネント2	NM_006320	10	13	0	20	0	10
2	K30-1-1	MAP キナーゼ結合セリン/トレオニンキナーゼ2	NM_199054	0	13	10	20	20	5
3	12N3-1	EST: 601191782F1	BE264462	5	0	0	0	0	0
4	12O1-1	EST: 602301679F1	BG032310	15	0	10	30	0	0
5	14A1-1-1	付加的性糖類似1	NM_015338	15	13	10	10	0	6
6	18G3-1	フォークヘッドボックス A1	NM_004496	10	0	0	0	20	0
7	19C1-1	レチノイン酸誘導 16	NM_022749	5	0	0	0	10	0
8	19F1-1	リケン cDNA 5730528L13 類似遺伝子	NM_080655	5	0	40	10	10	5
9	19F1-2	リシン tRNA 合成酵素	BC004132	0	13	20	20	20	0
10	6BD3-1	EST: AGENCOURT_15657942	CF597227	14					0
11	14H1-2-1	KDEL 小胞体タンパク質保持受容体1	NM_006801	10					0
12	18B2-1	リソソーム結合タンパク質 膜貫通4ペプチド	NM_018407	10					0
13	18G1-1	タンパク質ホスファターゼ1, 触媒サブユニット, αアイソフォーム	NM_002708	10					0
14	20J4-1	ペルオキシレドキシシン3	NM_006793	14					0
15	19M2	アルドケトレダクターゼファミリー1, メンバーC3	NM_003739	38					0
16	10Q3-1	ユビキチン結合酵素 E21	BC000744	33					0
17	14A1-1-2	ホスファチジン酸ホスファターゼ、タイプ 2C	NM_003712	40					21
18	14B1-2-1	ベータカテニン相互作用タンパク質1	NM_020248	33					17
19	14H2-1-1	ソーティングネキシン15	NM_147777	11					4

【0111】

これら19種の新規抗原ポリペプチドのアミノ酸をコードするポリヌクレオチド(cDNA)配列は、それぞれ配列番号41、43、45、46、47、49、51、53、55、57、58、60、62、64、66、68、70、72及び74に示される各塩基配列を有している。また、配列番号41、43、47、49、51、53、55、58、60、62、64、66、68、70、72及び74に示される各塩基配列は、それぞれ

配列番号 42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 のアミノ酸配列を有している。

【0112】

図2～20は、これら19種の新規抗原ポリペプチドと各患者血清中の抗体との結合反応を調べたウエスタンブロット分析の結果である。この図2～20において、矢印は患者血清中の抗体と特異的に反応したポリペプチドを示す。IPTG処理した大腸菌抽出液において検出され、無処理の大腸菌抽出液には検出されないことから導入したcDNA由来のポリペプチドであると確認できる。

【産業上の利用可能性】

【0113】

以上、詳細に説明したように、本発明に係る固形癌診断キットにより、固形癌を高精度で診断することができ、固形癌の早期診断に有用である。また、本発明に係る固形癌予防又は治療用医薬により、固形癌のみを標的とする治療法を行うことが可能となる。

【図面の簡単な説明】

【0114】

【図1A】大腸癌患者の癌組織及び正常組織における抗原タンパク質の特異的発現の比較を示す図である。

【図1B】大腸癌患者の癌組織及び正常組織における抗原タンパク質の特異的発現の比較を示す図である。

【図2】配列番号41に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図3】配列番号43に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図4】配列番号45に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図5】配列番号46に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図6】配列番号47に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図7】配列番号49に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図8】配列番号51に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図9】配列番号53に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図10】配列番号55に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図11】配列番号57に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図12】配列番号58に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペ

プチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 3】 配列番号 6 0 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 4】 配列番号 6 2 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 5】 配列番号 6 4 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 6】 配列番号 6 6 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 7】 配列番号 6 8 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 8】 配列番号 7 0 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 1 9】 配列番号 7 2 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【図 2 0】 配列番号 7 4 に塩基配列を示したポリヌクレオチドが発現する抗原ポリペプチドと、患者血清中の抗体との反応性を示したウエスタンブロット分析の結果である。

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Japan Science and Technology Agency

<120> Human solid tumor-specific proteins

<130> P04-0027

<160> 75

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 1321

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (87)..(1103)

<223>

<400> 1

ggcgctggggc agtgtggagg tcgttggagt cacttcgcgc tcaccagctc ctgtgcctgc 60

cagtcgggtgc cctccccgt ccagcc atg ctc tcc gcc ctc gcc cgg cct gcc 113

Met Leu Ser Ala Leu Ala Arg Pro Ala

1

5

agc gct gct ctc cgc cgc agc ttc agc acc tcg gcc cag aac aat gct 161

Ser Ala Ala Leu Arg Arg Ser Phe Ser Thr Ser Ala Gln Asn Asn Ala

10 15 20 25

aaa gta gct gtg cta ggg gcc tct gga ggc atc ggg cag cca ctt tca 209

Lys Val Ala Val Leu Gly Ala Ser Gly Gly Ile Gly Gln Pro Leu Ser

30

35

40

ctt ctc ctg aag aac agc ccc ttg gtg agc cgc ctg acc ctc tat gat 257

Leu Leu Leu Lys Asn Ser Pro Leu Val Ser Arg Leu Thr Leu Tyr Asp

45

50

55

atc gcg cac aca ccc gga gtg gcc gca gat ctg agc cac atc gag acc 305

Ile Ala His Thr Pro Gly Val Ala Ala Asp Leu Ser His Ile Glu Thr

60

65

70

aaa gcc gct gtg aaa ggc tac ctc gga cct gaa cag ctg cct gac tgc 353

Lys Ala Ala Val Lys Gly Tyr Leu Gly Pro Glu Gln Leu Pro Asp Cys

75

80

85

ctg	aaa	ggt	tgt	gat	gtg	gta	gtt	att	ccg	gct	gga	gtc	ccc	aga	aag	401
Leu	Lys	Gly	Cys	Asp	Val	Val	Val	Ile	Pro	Ala	Gly	Val	Pro	Arg	Lys	
90					95					100					105	
cca	ggc	atg	acc	cgg	gac	gac	ctg	ttc	aac	acc	aat	gcc	acg	att	gtg	449
Pro	Gly	Met	Thr	Arg	Asp	Asp	Leu	Phe	Asn	Thr	Asn	Ala	Thr	Ile	Val	
				110					115					120		
gcc	acc	ctg	acc	gct	gcc	tgt	gcc	cag	cac	tgc	ccg	gaa	gcc	atg	atc	497
Ala	Thr	Leu	Thr	Ala	Ala	Cys	Ala	Gln	His	Cys	Pro	Glu	Ala	Met	Ile	
			125					130					135			
tgc	gtc	att	gcc	aat	ccg	gtt	aat	tcc	acc	atc	ccc	atc	aca	gca	gaa	545
Cys	Val	Ile	Ala	Asn	Pro	Val	Asn	Ser	Thr	Ile	Pro	Ile	Thr	Ala	Glu	
		140					145					150				
gtt	ttc	aag	aag	cat	gga	gtg	tac	aac	ccc	aac	aaa	atc	ttc	ggc	gtg	593
Val	Phe	Lys	Lys	His	Gly	Val	Tyr	Asn	Pro	Asn	Lys	Ile	Phe	Gly	Val	
	155					160					165					
acg	acc	ctg	gac	atc	gtc	aga	gcc	aac	acc	ttt	gtt	gca	gag	ctg	aag	641
Thr	Thr	Leu	Asp	Ile	Val	Arg	Ala	Asn	Thr	Phe	Val	Ala	Glu	Leu	Lys	
170					175					180					185	
ggt	ttg	gat	cca	gct	cga	gtc	aac	gtc	cct	gtc	att	ggt	ggc	cat	gct	689
Gly	Leu	Asp	Pro	Ala	Arg	Val	Asn	Val	Pro	Val	Ile	Gly	Gly	His	Ala	
				190					195					200		
ggg	aag	acc	atc	atc	ccc	ctg	atc	tct	cag	tgc	acc	ccc	aag	gtg	gac	737
Gly	Lys	Thr	Ile	Ile	Pro	Leu	Ile	Ser	Gln	Cys	Thr	Pro	Lys	Val	Asp	
			205					210					215			
ttt	ccc	cag	gac	cag	ctg	aca	gca	ctc	act	ggg	cgg	atc	cag	gag	gcc	785
Phe	Pro	Gln	Asp	Gln	Leu	Thr	Ala	Leu	Thr	Gly	Arg	Ile	Gln	Glu	Ala	
		220					225					230				
ggc	acg	gag	gtg	gtc	aag	gct	aaa	gcc	gga	gca	ggc	tct	gcc	acc	ctc	833
Gly	Thr	Glu	Val	Val	Lys	Ala	Lys	Ala	Gly	Ala	Gly	Ser	Ala	Thr	Leu	
	235					240					245					
tcc	atg	gcg	tat	gcc	ggc	gcc	cgc	ttt	gtc	ttc	tcc	ctt	gtg	gat	gca	881
Ser	Met	Ala	Tyr	Ala	Gly	Ala	Arg	Phe	Val	Phe	Ser	Leu	Val	Asp	Ala	
250					255					260					265	
atg	aat	gga	aag	gaa	ggt	gtt	gtg	gaa	tgt	tcc	ttc	gtt	aag	tca	cag	929
Met	Asn	Gly	Lys	Glu	Gly	Val	Val	Glu	Cys	Ser	Phe	Val	Lys	Ser	Gln	
				270					275					280		
gaa	acg	gaa	tgt	acc	tac	ttc	tcc	aca	ccg	ctg	ctg	ctt	ggg	aaa	aag	977
Glu	Thr	Glu	Cys	Thr	Tyr	Phe	Ser	Thr	Pro	Leu	Leu	Leu	Gly	Lys	Lys	

285

290

295

ggc atc gag aag aac ctg ggc atc ggc aaa gtc tcc tct ttt gag gag 1025
 Gly Ile Glu Lys Asn Leu Gly Ile Gly Lys Val Ser Ser Phe Glu Glu
 300 305 310

aag atg atc tcg gat gcc atc ccc gag ctg aag gcc tcc atc aag aag 1073
 Lys Met Ile Ser Asp Ala Ile Pro Glu Leu Lys Ala Ser Ile Lys Lys
 315 320 325

ggg gaa gat ttc gtg aag acc ctg aag tga gccgctgtga cgggtggcca 1123
 Gly Glu Asp Phe Val Lys Thr Leu Lys
 330 335

gtttccttaa tttatgaagg catcatgtca ctgcaaagcc gttgcagata aactttgtat 1183

tttaatttgc tttggtgatg attactgtat tgacatcacc atgccttcca aattgtgggt 1243

ggctctgtgg gcgcatcaat aaaagccgtc cttgatttta tttttcaagg tcccttctgt 1303

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1321

<210> 2

<211> 338

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Met Leu Ser Ala Leu Ala Arg Pro Ala Ser Ala Ala Leu Arg Arg Ser
 1 5 10 15

Phe Ser Thr Ser Ala Gln Asn Asn Ala Lys Val Ala Val Leu Gly Ala
 20 25 30

Ser Gly Gly Ile Gly Gln Pro Leu Ser Leu Leu Leu Lys Asn Ser Pro
 35 40 45

Leu Val Ser Arg Leu Thr Leu Tyr Asp Ile Ala His Thr Pro Gly Val
 50 55 60

Ala Ala Asp Leu Ser His Ile Glu Thr Lys Ala Ala Val Lys Gly Tyr
 65 70 75 80

Leu Gly Pro Glu Gln Leu Pro Asp Cys Leu Lys Gly Cys Asp Val Val
85 90 95

Val Ile Pro Ala Gly Val Pro Arg Lys Pro Gly Met Thr Arg Asp Asp
100 105 110

Leu Phe Asn Thr Asn Ala Thr Ile Val Ala Thr Leu Thr Ala Ala Cys
115 120 125

Ala Gln His Cys Pro Glu Ala Met Ile Cys Val Ile Ala Asn Pro Val
130 135 140

Asn Ser Thr Ile Pro Ile Thr Ala Glu Val Phe Lys Lys His Gly Val
145 150 155 160

Tyr Asn Pro Asn Lys Ile Phe Gly Val Thr Thr Leu Asp Ile Val Arg
165 170 175

Ala Asn Thr Phe Val Ala Glu Leu Lys Gly Leu Asp Pro Ala Arg Val
180 185 190

Asn Val Pro Val Ile Gly Gly His Ala Gly Lys Thr Ile Ile Pro Leu
195 200 205

Ile Ser Gln Cys Thr Pro Lys Val Asp Phe Pro Gln Asp Gln Leu Thr
210 215 220

Ala Leu Thr Gly Arg Ile Gln Glu Ala Gly Thr Glu Val Val Lys Ala
225 230 235 240

Lys Ala Gly Ala Gly Ser Ala Thr Leu Ser Met Ala Tyr Ala Gly Ala
245 250 255

Arg Phe Val Phe Ser Leu Val Asp Ala Met Asn Gly Lys Glu Gly Val
260 265 270

Val Glu Cys Ser Phe Val Lys Ser Gln Glu Thr Glu Cys Thr Tyr Phe
275 280 285

Ser	Thr	Pro	Leu	Leu	Leu	Gly	Lys	Lys	Gly	Ile	Glu	Lys	Asn	Leu	Gly
	290					295					300				

Ile	Gly	Lys	Val	Ser	Ser	Phe	Glu	Glu	Lys	Met	Ile	Ser	Asp	Ala	Ile
305					310					315					320

Pro	Glu	Leu	Lys	Ala	Ser	Ile	Lys	Lys	Gly	Glu	Asp	Phe	Val	Lys	Thr
				325					330					335	

Leu Lys

<210> 3
 <211> 2049
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (51)..(797)
 <223>

<400> 3	
gagccagcc gagcgctccgc cgtgccccgt ggcctctctgc gctccgcgcc atg gcc	56
	Met Ala
	1

ggc ctc aac tcc ctg gag gcg gtg aaa cgc aag atc cag gcc ctg cag	104
Gly Leu Asn Ser Leu Glu Ala Val Lys Arg Lys Ile Gln Ala Leu Gln	
5 10 15	

cag cag gcg gac gag gcg gaa gac cgc gcg cag ggc ctg cag cgg gag	152
Gln Gln Ala Asp Glu Ala Glu Asp Arg Ala Gln Gly Leu Gln Arg Glu	
20 25 30	

ctg gac ggc gag cgc gag cgg cgc gag aaa gct gaa ggt gat gtg gcc	200
Leu Asp Gly Glu Arg Glu Arg Arg Glu Lys Ala Glu Gly Asp Val Ala	
35 40 45 50	

gcc ctc aac cga cgc atc cag ctc gtt gag gag gag ttg gac agg gct	248
Ala Leu Asn Arg Arg Ile Gln Leu Val Glu Glu Glu Leu Asp Arg Ala	
55 60 65	

cag gaa cga ctg gcc acg gcc ctg cag aag ctg gag gag gca gaa aaa	296
---	-----

Gln	Glu	Arg	Leu	Ala	Thr	Ala	Leu	Gln	Lys	Leu	Glu	Glu	Ala	Glu	Lys	
			70					75					80			
gct	gca	gat	gag	agt	gag	aga	gga	atg	aag	gtg	ata	gaa	aac	cgg	gcc	344
Ala	Ala	Asp	Glu	Ser	Glu	Arg	Gly	Met	Lys	Val	Ile	Glu	Asn	Arg	Ala	
		85					90					95				
atg	aag	gat	gag	gag	aag	atg	gag	att	cag	gag	atg	cag	ctc	aaa	gag	392
Met	Lys	Asp	Glu	Glu	Lys	Met	Glu	Ile	Gln	Glu	Met	Gln	Leu	Lys	Glu	
	100					105					110					
gcc	aag	cac	att	gcg	gaa	gag	gct	gac	cgc	aaa	tac	gag	gag	gta	gct	440
Ala	Lys	His	Ile	Ala	Glu	Glu	Ala	Asp	Arg	Lys	Tyr	Glu	Glu	Val	Ala	
115					120					125					130	
cgt	aag	ctg	gtc	atc	ctg	gag	ggt	gag	ctg	gag	agg	gca	gag	gag	cgt	488
Arg	Lys	Leu	Val	Ile	Leu	Glu	Gly	Glu	Leu	Glu	Arg	Ala	Glu	Glu	Arg	
			135					140						145		
gcg	gag	gtg	tct	gaa	cta	aaa	tgt	ggt	gac	ctg	gaa	gaa	gaa	ctc	aag	536
Ala	Glu	Val	Ser	Glu	Leu	Lys	Cys	Gly	Asp	Leu	Glu	Glu	Glu	Leu	Lys	
			150					155					160			
aat	gtt	act	aac	aat	ctg	aaa	tct	ctg	gag	gct	gca	tct	gaa	aag	tat	584
Asn	Val	Thr	Asn	Asn	Leu	Lys	Ser	Leu	Glu	Ala	Ala	Ser	Glu	Lys	Tyr	
		165					170					175				
tct	gaa	aag	gag	gac	aaa	tat	gaa	gaa	gaa	att	aaa	ctt	ctg	tct	gac	632
Ser	Glu	Lys	Glu	Asp	Lys	Tyr	Glu	Glu	Glu	Ile	Lys	Leu	Leu	Ser	Asp	
	180					185					190					
aaa	ctg	aaa	gag	gct	gag	acc	cgt	gct	gaa	ttt	gca	gag	aga	acg	gtt	680
Lys	Leu	Lys	Glu	Ala	Glu	Thr	Arg	Ala	Glu	Phe	Ala	Glu	Arg	Thr	Val	
195					200					205					210	
gca	aaa	ctg	gaa	aag	aca	att	gat	gac	ctg	gaa	gag	aaa	ctt	gcc	cag	728
Ala	Lys	Leu	Glu	Lys	Thr	Ile	Asp	Asp	Leu	Glu	Glu	Lys	Leu	Ala	Gln	
			215					220						225		
gcc	aaa	gaa	gag	aac	gtg	ggc	tta	cat	cag	aca	ctg	gat	cag	aca	cta	776
Ala	Lys	Glu	Glu	Asn	Val	Gly	Leu	His	Gln	Thr	Leu	Asp	Gln	Thr	Leu	
			230					235					240			
aac	gaa	ctt	aac	tgt	ata	taa	gca	aaacaga	agag	tctt	gt	tcca	aacagaa			827
Asn	Glu	Leu	Asn	Cys	Ile											
		245														
actcttg	gagc	tc	cg	tgg	gtc	tttctct	tctct	cttg	ta	agaa	gttc	ctttt	g	ttatt	gccat	887
cttcg	ctttg	ct	gg	aa	atgt	caagc	aaatt	atga	ata	cat	gacca	aatat	ttt	gtat	cgg	947

Leu Gln Gln Gln Ala Asp Glu Ala Glu Asp Arg Ala Gln Gly Leu Gln
20 25 30

Arg Glu Leu Asp Gly Glu Arg Glu Arg Arg Glu Lys Ala Glu Gly Asp
35 40 45

Val Ala Ala Leu Asn Arg Arg Ile Gln Leu Val Glu Glu Glu Leu Asp
50 55 60

Arg Ala Gln Glu Arg Leu Ala Thr Ala Leu Gln Lys Leu Glu Glu Ala
65 70 75 80

Glu Lys Ala Ala Asp Glu Ser Glu Arg Gly Met Lys Val Ile Glu Asn
85 90 95

Arg Ala Met Lys Asp Glu Glu Lys Met Glu Ile Gln Glu Met Gln Leu
100 105 110

Lys Glu Ala Lys His Ile Ala Glu Glu Ala Asp Arg Lys Tyr Glu Glu
115 120 125

Val Ala Arg Lys Leu Val Ile Leu Glu Gly Glu Leu Glu Arg Ala Glu
130 135 140

Glu Arg Ala Glu Val Ser Glu Leu Lys Cys Gly Asp Leu Glu Glu Glu
145 150 155 160

Leu Lys Asn Val Thr Asn Asn Leu Lys Ser Leu Glu Ala Ala Ser Glu
165 170 175

Lys Tyr Ser Glu Lys Glu Asp Lys Tyr Glu Glu Glu Ile Lys Leu Leu
180 185 190

Ser Asp Lys Leu Lys Glu Ala Glu Thr Arg Ala Glu Phe Ala Glu Arg
195 200 205

Thr Val Ala Lys Leu Glu Lys Thr Ile Asp Asp Leu Glu Glu Lys Leu

210

215

220

Ala Gln Ala Lys Glu Glu Asn Val Gly Leu His Gln Thr Leu Asp Gln
 225 230 235 240

Thr Leu Asn Glu Leu Asn Cys Ile
 245

<210> 5

<211> 2251

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (154)..(1533)

<223>

<400> 5

gccgcgtgca gaggtgctca agcctcctcg cggtcgcgag tcagtgccgc cgcgcccggc 60

ctcccgccacg ccccgccaggt agcgcccccg cccgcggccc agagtgcgct cgcgccggca 120

ccagctcccg gataaacggc gcgccgcgcg gag atg aca gcc gag gag atg aag 174
 Met Thr Ala Glu Glu Met Lys
 1 5

gcg acc gag agc ggg gcg cag tcg gcg ccg ctg ccc atg gag gga gtc 222
 Ala Thr Glu Ser Gly Ala Gln Ser Ala Pro Leu Pro Met Glu Gly Val
 10 15 20

gac atc agc ccc aaa cag gac gaa ggc gtc ctg aag gtc atc aag aga 270
 Asp Ile Ser Pro Lys Gln Asp Glu Gly Val Leu Lys Val Ile Lys Arg
 25 30 35

gag ggc aca ggt aca gag atg ccc atg att ggg gac cga gtc ttt gtc 318
 Glu Gly Thr Gly Thr Glu Met Pro Met Ile Gly Asp Arg Val Phe Val
 40 45 50 55

cac tac act ggc tgg cta tta gat ggc aca aag ttt gac tcc agt ctg 366
 His Tyr Thr Gly Trp Leu Leu Asp Gly Thr Lys Phe Asp Ser Ser Leu
 60 65 70

gat cgc aag gac aaa ttc tcc ttt gac ctg gga aaa ggg gag gtc atc 414
 Asp Arg Lys Asp Lys Phe Ser Phe Asp Leu Gly Lys Gly Glu Val Ile
 75 80 85

aag gct tgg gac att gcc ata gcc acc atg aag gtg ggg gag gtg tgc	462
Lys Ala Trp Asp Ile Ala Ile Ala Thr Met Lys Val Gly Glu Val Cys	
90 95 100	
cac atc acc tgc aaa cca gaa tat gcc tac ggt tca gca ggc agt cct	510
His Ile Thr Cys Lys Pro Glu Tyr Ala Tyr Gly Ser Ala Gly Ser Pro	
105 110 115	
cca aag att ccc ccc aat gcc acg ctt gta ttt gag gtg gag ttg ttt	558
Pro Lys Ile Pro Pro Asn Ala Thr Leu Val Phe Glu Val Glu Leu Phe	
120 125 130 135	
gag ttt aag gga gaa gat ctg acg gaa gag gaa gat ggc gga atc att	606
Glu Phe Lys Gly Glu Asp Leu Thr Glu Glu Glu Asp Gly Gly Ile Ile	
140 145 150	
cgc aga ata cag act cgc ggt gaa ggc tat gct aag ccc aat gag ggt	654
Arg Arg Ile Gln Thr Arg Gly Glu Gly Tyr Ala Lys Pro Asn Glu Gly	
155 160 165	
gct atc gtg gag gtt gca ctg gaa ggg tac tac aag gac aag ctc ttt	702
Ala Ile Val Glu Val Ala Leu Glu Gly Tyr Tyr Lys Asp Lys Leu Phe	
170 175 180	
gac cag cgg gag ctc cgc ttt gag att ggc gag ggg gag aac ctg gat	750
Asp Gln Arg Glu Leu Arg Phe Glu Ile Gly Glu Gly Glu Asn Leu Asp	
185 190 195	
ctg cct tat ggt ctg gag agg gcc att cag cgc atg gag aaa gga gaa	798
Leu Pro Tyr Gly Leu Glu Arg Ala Ile Gln Arg Met Glu Lys Gly Glu	
200 205 210 215	
cat tcc atc gtg tac ctc aag ccc agc tat gct ttt ggc agt gtt ggg	846
His Ser Ile Val Tyr Leu Lys Pro Ser Tyr Ala Phe Gly Ser Val Gly	
220 225 230	
aag gaa aag ttc caa atc cca cca aat gct gag ctg aaa tat gaa tta	894
Lys Glu Lys Phe Gln Ile Pro Pro Asn Ala Glu Leu Lys Tyr Glu Leu	
235 240 245	
cac ctc aag agt ttt gaa aag gcc aag gag tct tgg gag atg aat tca	942
His Leu Lys Ser Phe Glu Lys Ala Lys Glu Ser Trp Glu Met Asn Ser	
250 255 260	
gaa gag aag ctg gaa cag agc acc ata gtg aaa gag cgg ggc act gtg	990
Glu Glu Lys Leu Glu Gln Ser Thr Ile Val Lys Glu Arg Gly Thr Val	
265 270 275	
tac ttc aag gaa ggt aaa tac aag caa gct tta cta cag tat aag aag	1038
Tyr Phe Lys Glu Gly Lys Tyr Lys Gln Ala Leu Leu Gln Tyr Lys Lys	

280		285		290		295	
atc gtg tct tgg ctg gaa tat gag tct agt ttt tcc aat gag gaa gca	1086						
Ile Val Ser Trp Leu Glu Tyr Glu Ser Ser Phe Ser Asn Glu Glu Ala							
		300		305		310	
cag aaa gca cag gcc ctt cga ctg gcc tct cac ctc aac ctg gcc atg	1134						
Gln Lys Ala Gln Ala Leu Arg Leu Ala Ser His Leu Asn Leu Ala Met							
		315		320		325	
tgt cat ctg aaa cta cag gcc ttc tct gct gcc att gaa agc tgt aac	1182						
Cys His Leu Lys Leu Glu Ala Phe Ser Ala Ala Ile Glu Ser Cys Asn							
		330		335		340	
aag gcc cta gaa ctg gac agc aac aac gag aag ggc ctc ttc cgc cgg	1230						
Lys Ala Leu Glu Leu Asp Ser Asn Asn Glu Lys Gly Leu Phe Arg Arg							
		345		350		355	
gga gag gcc cac ctg gcc gtg aat gac ttt gaa ctg gca cgg gct gat	1278						
Gly Glu Ala His Leu Ala Val Asn Asp Phe Glu Leu Ala Arg Ala Asp							
		360		365		370	
ttc cag aag gtc ctg cag ctc tac ccc aac aac aaa gcc gcc aag acc	1326						
Phe Gln Lys Val Leu Glu Leu Tyr Pro Asn Asn Lys Ala Ala Lys Thr							
		380		385		390	
cag ctg gct gtg tgc cag cag cgg atc cga agg cag ctt gcc cgg gag	1374						
Gln Leu Ala Val Cys Gln Gln Arg Ile Arg Arg Gln Leu Ala Arg Glu							
		395		400		405	
aag aag ctc tat gcc aat atg ttt gag agg ctg gct gag gag gag aac	1422						
Lys Lys Leu Tyr Ala Asn Met Phe Glu Arg Leu Ala Glu Glu Glu Asn							
		410		415		420	
aag gcc aag gca gag gct tcc tca gga gac cat ccc act gac aca gag	1470						
Lys Ala Lys Ala Glu Ala Ser Ser Gly Asp His Pro Thr Asp Thr Glu							
		425		430		435	
atg aag gag gag cag aag agc aac acg gca ggg agc cag tct cag gtg	1518						
Met Lys Glu Glu Gln Lys Ser Asn Thr Ala Gly Ser Gln Ser Gln Val							
		440		445		450	
gag aca gaa gca tag cccctctcca ccagccctac tccctgaggct gcctgcccc							1573
Glu Thr Glu Ala							
cagctctcccc actccaccct gttagttttg taaaaactga agaattttga gtgaattaga							1633
cctttatttt tctatctggt tggatgggtgg ctttagggga aggggggaaag gtgtaggctg							1693

```

ggggattgag gtggggaatc attttagctg gtgtcagccc ctcttccctt cctccattgc 1753
acatgaacat atgtccatcc atatatattc atcagaatgt taatttattt tgctccctct 1813
gttaggtcca ttttctaagg gtagaagagg caagtggtag ggatgaggtc tgataagaac 1873
ccaggggtgga gagggagact cctgggcagc cgttttcctc atcctttccc tctcccagtc 1933
cattttccaaa tgtggcctcc atgtgggtgc tagggacatg ggaaaaacca ctgctatgcc 1993
atttcttctc tctgttccct tcttcacccc cgacgggtgtg gctgatgatg tcttctggtg 2053
tcatggtgac caccacctgt tccctgttct ggtatttccc ctgtcagttt cccctctcgg 2113
ccaggttggtg tcccaaaatc cctcagcct cttctctgca cgttgctgaa ggtccaggct 2173
tgectcaagt tccatgcttg agcaataaag tggaaacaat aaaacctggg tgtcagacaa 2233
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2251

```

```

<210> 6
<211> 459
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 6

```

```

Met Thr Ala Glu Glu Met Lys Ala Thr Glu Ser Gly Ala Gln Ser Ala
1          5          10          15

```

```

Pro Leu Pro Met Glu Gly Val Asp Ile Ser Pro Lys Gln Asp Glu Gly
20          25          30

```

```

Val Leu Lys Val Ile Lys Arg Glu Gly Thr Gly Thr Glu Met Pro Met
35          40          45

```

```

Ile Gly Asp Arg Val Phe Val His Tyr Thr Gly Trp Leu Leu Asp Gly
50          55          60

```

```

Thr Lys Phe Asp Ser Ser Leu Asp Arg Lys Asp Lys Phe Ser Phe Asp
65          70          75          80

```

```

Leu Gly Lys Gly Glu Val Ile Lys Ala Trp Asp Ile Ala Ile Ala Thr
85          90          95

```

Met	Lys	Val	Gly	Glu	Val	Cys	His	Ile	Thr	Cys	Lys	Pro	Glu	Tyr	Ala	
			100					105					110			
Tyr	Gly	Ser	Ala	Gly	Ser	Pro	Pro	Lys	Ile	Pro	Pro	Asn	Ala	Thr	Leu	
		115					120					125				
Val	Phe	Glu	Val	Glu	Leu	Phe	Glu	Phe	Lys	Gly	Glu	Asp	Leu	Thr	Glu	
	130					135					140					
Glu	Glu	Asp	Gly	Gly	Ile	Ile	Arg	Arg	Ile	Gln	Thr	Arg	Gly	Glu	Gly	
145					150					155					160	
Tyr	Ala	Lys	Pro	Asn	Glu	Gly	Ala	Ile	Val	Glu	Val	Ala	Leu	Glu	Gly	
				165					170					175		
Tyr	Tyr	Lys	Asp	Lys	Leu	Phe	Asp	Gln	Arg	Glu	Leu	Arg	Phe	Glu	Ile	
			180					185					190			
Gly	Glu	Gly	Glu	Asn	Leu	Asp	Leu	Pro	Tyr	Gly	Leu	Glu	Arg	Ala	Ile	
		195					200					205				
Gln	Arg	Met	Glu	Lys	Gly	Glu	His	Ser	Ile	Val	Tyr	Leu	Lys	Pro	Ser	
	210					215					220					
Tyr	Ala	Phe	Gly	Ser	Val	Gly	Lys	Glu	Lys	Phe	Gln	Ile	Pro	Pro	Asn	
225					230					235					240	
Ala	Glu	Leu	Lys	Tyr	Glu	Leu	His	Leu	Lys	Ser	Phe	Glu	Lys	Ala	Lys	
				245					250					255		
Glu	Ser	Trp	Glu	Met	Asn	Ser	Glu	Glu	Lys	Leu	Glu	Gln	Ser	Thr	Ile	
			260					265					270			
Val	Lys	Glu	Arg	Gly	Thr	Val	Tyr	Phe	Lys	Glu	Gly	Lys	Tyr	Lys	Gln	
		275					280					285				

Ala Leu Leu Gln Tyr Lys Lys Ile Val Ser Trp Leu Glu Tyr Glu Ser
290 295 300

Ser Phe Ser Asn Glu Glu Ala Gln Lys Ala Gln Ala Leu Arg Leu Ala
305 310 315 320

Ser His Leu Asn Leu Ala Met Cys His Leu Lys Leu Gln Ala Phe Ser
325 330 335

Ala Ala Ile Glu Ser Cys Asn Lys Ala Leu Glu Leu Asp Ser Asn Asn
340 345 350

Glu Lys Gly Leu Phe Arg Arg Gly Glu Ala His Leu Ala Val Asn Asp
355 360 365

Phe Glu Leu Ala Arg Ala Asp Phe Gln Lys Val Leu Gln Leu Tyr Pro
370 375 380

Asn Asn Lys Ala Ala Lys Thr Gln Leu Ala Val Cys Gln Gln Arg Ile
385 390 395 400

Arg Arg Gln Leu Ala Arg Glu Lys Lys Leu Tyr Ala Asn Met Phe Glu
405 410 415

Arg Leu Ala Glu Glu Glu Asn Lys Ala Lys Ala Glu Ala Ser Ser Gly
420 425 430

Asp His Pro Thr Asp Thr Glu Met Lys Glu Glu Gln Lys Ser Asn Thr
435 440 445

Ala Gly Ser Gln Ser Gln Val Glu Thr Glu Ala
450 455

<210> 7

<211> 2562

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS
<222> (56)..(1651)
<223>

<400> 7

g c c g c g c c c g g c t c t g g g c a c t c a g c a t c g t t t c c t t t t t c c t c c g c t g g a g c a g c t a t g 58
Met
1

g c g g c g g t g a a g a c c c t g a a c c c c a a g g c c g a g g t g g c c g a g c g c a g 106
Ala Ala Val Lys Thr Leu Asn Pro Lys Ala Glu Val Ala Arg Ala Gln
5 10 15

g c g g c g c t g g c g g t c a a c a t c a g c g c a g c g c g g g g t c t g c a g g a c g t g 154
Ala Ala Leu Ala Val Asn Ile Ser Ala Ala Arg Gly Leu Gln Asp Val
20 25 30

c t a a g g a c c a a c c t g g g g c c c a a g g g c a c c a t g a a g a t g c t c g t t t c t 202
Leu Arg Thr Asn Leu Gly Pro Lys Gly Thr Met Lys Met Leu Val Ser
35 40 45

g g c g c t g g a g a c a t c a a a c t t a c t a a a g a c g g c a a t g t g c t g c t t c a c 250
Gly Ala Gly Asp Ile Lys Leu Thr Lys Asp Gly Asn Val Leu Leu His
50 55 60 65

g a a a t g c a a a t t c a a c a c c c a a c a g c t t c c t t a a t a g c a a a g g t a g c a 298
Glu Met Gln Ile Gln His Pro Thr Ala Ser Leu Ile Ala Lys Val Ala
70 75 80

a c a g c c a g g a t g a t a t a a c t g g t g a t g g t a c g a c t t c t a a t g t c c t a 346
Thr Ala Gln Asp Asp Ile Thr Gly Asp Gly Thr Thr Ser Asn Val Leu
85 90 95

a t c a t t g g a g a g c t g c t g a a c a g g c g g a t c t c t a c a t t t c t g a a g g c 394
Ile Ile Gly Glu Leu Leu Lys Gln Ala Asp Leu Tyr Ile Ser Glu Gly
100 105 110

c t t c a t c c t a g a a t a a t c a c t g a a g g a t t t g a a g c t g c a a a g g a a a g 442
Leu His Pro Arg Ile Ile Thr Glu Gly Phe Glu Ala Ala Lys Glu Lys
115 120 125

g c c c t t c a g t t t t t g g a a g a a g t c a a a g t a a g c a g a g a g a t g g a c a g g 490
Ala Leu Gln Phe Leu Glu Glu Val Lys Val Ser Arg Glu Met Asp Arg
130 135 140 145

g a a a c a c t t a t a g a t g t g g c c a g a a c a t c t c t c g t a c t a a a g t t c a t 538
Glu Thr Leu Ile Asp Val Ala Arg Thr Ser Leu Arg Thr Lys Val His
150 155 160

g c t g a a c t t g c a g a t g t c t t a a c a g a g g c t g t a g t g g a c t c c a t t t t g 586

Ala	Glu	Leu	Ala	Asp	Val	Leu	Thr	Glu	Ala	Val	Val	Asp	Ser	Ile	Leu	
			165					170					175			
gcc	att	aaa	aag	caa	gat	gaa	cct	att	gat	ctc	ttc	atg	att	gag	atc	634
Ala	Ile	Lys	Lys	Gln	Asp	Glu	Pro	Ile	Asp	Leu	Phe	Met	Ile	Glu	Ile	
		180					185					190				
atg	gag	atg	aaa	cat	aaa	tct	gaa	act	gat	aca	agc	tta	atc	aga	ggg	682
Met	Glu	Met	Lys	His	Lys	Ser	Glu	Thr	Asp	Thr	Ser	Leu	Ile	Arg	Gly	
	195					200					205					
ctt	gtt	ttg	gac	cac	gga	gca	cgg	cat	cct	gat	atg	aag	aaa	agg	gtg	730
Leu	Val	Leu	Asp	His	Gly	Ala	Arg	His	Pro	Asp	Met	Lys	Lys	Arg	Val	
210					215					220					225	
gag	gat	gca	tac	atc	ctc	act	tgt	aac	gtg	tca	tta	gag	tat	gag	aaa	778
Glu	Asp	Ala	Tyr	Ile	Leu	Thr	Cys	Asn	Val	Ser	Leu	Glu	Tyr	Glu	Lys	
			230					235						240		
aca	gaa	gtg	aat	tct	ggc	ttt	ttt	tac	aag	agt	gca	gaa	gag	aga	gaa	826
Thr	Glu	Val	Asn	Ser	Gly	Phe	Phe	Tyr	Lys	Ser	Ala	Glu	Glu	Arg	Glu	
			245					250					255			
aaa	ctc	gtg	aaa	gct	gaa	aga	aaa	ttc	att	gaa	gat	agg	gtt	aaa	aaa	874
Lys	Leu	Val	Lys	Ala	Glu	Arg	Lys	Phe	Ile	Glu	Asp	Arg	Val	Lys	Lys	
		260					265					270				
ata	ata	gaa	ctg	aaa	agg	aaa	gtc	tgt	ggc	gat	tca	gat	aaa	gga	ttt	922
Ile	Ile	Glu	Leu	Lys	Arg	Lys	Val	Cys	Gly	Asp	Ser	Asp	Lys	Gly	Phe	
	275					280					285					
gtt	gtt	att	aat	caa	aag	gga	att	gac	ccc	ttt	tcc	tta	gat	gct	ctt	970
Val	Val	Ile	Asn	Gln	Lys	Gly	Ile	Asp	Pro	Phe	Ser	Leu	Asp	Ala	Leu	
290					295				300						305	
tca	aaa	gaa	ggc	ata	gtc	gct	ctg	cgc	aga	gct	aaa	agg	aga	aat	atg	1018
Ser	Lys	Glu	Gly	Ile	Val	Ala	Leu	Arg	Arg	Ala	Lys	Arg	Arg	Asn	Met	
			310					315					320			
gag	agg	ctg	act	ctt	gct	tgt	ggg	gta	gcc	ctg	aat	tct	ttt	gac		1066
Glu	Arg	Leu	Thr	Leu	Ala	Cys	Gly	Gly	Val	Ala	Leu	Asn	Ser	Phe	Asp	
		325					330					335				
gac	cta	agt	cct	gac	tgc	ttg	gga	cat	gca	gga	ctt	gta	tat	gag	tat	1114
Asp	Leu	Ser	Pro	Asp	Cys	Leu	Gly	His	Ala	Gly	Leu	Val	Tyr	Glu	Tyr	
		340				345						350				
aca	ttg	gga	gaa	gag	aag	ttt	acc	ttt	att	gag	aaa	tgt	aac	aac	cct	1162
Thr	Leu	Gly	Glu	Glu	Lys	Phe	Thr	Phe	Ile	Glu	Lys	Cys	Asn	Asn	Pro	
	355					360					365					

cgt tct gtc aca tta ttg atc aaa gga cca aat aag cac aca ctc act	1210
Arg Ser Val Thr Leu Leu Ile Lys Gly Pro Asn Lys His Thr Leu Thr	
370 375 380 385	
cag atc aaa gat gca gtg agg gac ggc ttg agg gct gtc aaa aat gct	1258
Gln Ile Lys Asp Ala Val Arg Asp Gly Leu Arg Ala Val Lys Asn Ala	
390 395 400	
att gat gat ggc tgt gtg gtt cca ggt gct ggt gcc gtg gaa gtg gca	1306
Ile Asp Asp Gly Cys Val Val Pro Gly Ala Gly Ala Val Glu Val Ala	
405 410 415	
atg gca gaa gcc ctg att aaa cat aag ccc agt gta aag ggc agg gca	1354
Met Ala Glu Ala Leu Ile Lys His Lys Pro Ser Val Lys Gly Arg Ala	
420 425 430	
cag ctt gga gtc caa gca ttt gct gat gca ttg ctc att att ccc aag	1402
Gln Leu Gly Val Gln Ala Phe Ala Asp Ala Leu Leu Ile Ile Pro Lys	
435 440 445	
gtt ctt gct cag aac tct ggt ttt gac ctt cag gaa aca tta gtt aaa	1450
Val Leu Ala Gln Asn Ser Gly Phe Asp Leu Gln Glu Thr Leu Val Lys	
450 455 460 465	
att caa gca gaa cat tca gaa tca ggt cag ctt gtg ggt gtg gac ctg	1498
Ile Gln Ala Glu His Ser Glu Ser Gly Gln Leu Val Gly Val Asp Leu	
470 475 480	
aac aca ggt gag cca atg gtg gca gca gaa gta ggc gta tgg gat aac	1546
Asn Thr Gly Glu Pro Met Val Ala Ala Glu Val Gly Val Trp Asp Asn	
485 490 495	
tat tgt gta aag aaa cag ctt ctt cac tcc tgc act gtg att gcc acc	1594
Tyr Cys Val Lys Lys Gln Leu Leu His Ser Cys Thr Val Ile Ala Thr	
500 505 510	
aac att ctc ttg gtt gat gag atc atg cga gct gga atg tct tct ctg	1642
Asn Ile Leu Leu Val Asp Glu Ile Met Arg Ala Gly Met Ser Ser Leu	
515 520 525	
aaa ggt tga attgaagctt cctctgtatc tgaatcttga agactgc aaa	1691
Lys Gly	
530	
gtgatcctga ggattacagc tgttggaattt ttgtccaagc ttcaaataat tttgaaagaa	1751
attttcccat atgaaaaaag gagagaacac tggcatctgt tgaaatttgg aagttctgaa	1811
attatagtat ttttaaaaaat tgcactgaag tgtatacaca taaagcaggc cttttatcca	1871

gtgaacagga tgttttgctt tagcagcagt gacataaaat tccatgttag ataagcatat 1931
 gttacttacc ttgttattaa atatttcttg aaaagcaaat tttaatgggtt aattttatgt 1991
 ggacgtatgt taaattatcc aaactaccct attgttaagc atttggtttt aaaattttta 2051
 tgetaatata aatgctcaag taatttaaaa tattgaaagc atccctgttg gtataaaattt 2111
 ctgagtaa at gcat tggatc agttggactt tgaacgccct ttgaaatggc tttgctaaaa 2171
 tgctcccgcc acaaagttgt aggaaatggg aagaggagtc aactagaggc aagggagttg 2231
 agagagctgc aactgtaaag ggcaagaaca ggcagaggta aaaagatgat ggaagggtgtg 2291
 gtgactaagg gccacggtta ttgggtgaaa tttagagatgt aggccaactg tattttcaag 2351
 cttctgaact taaggcaaaa tattcatcgc aaagtctcta gcgtcatatt tttctcacc 2411
 aaattacgtt tccacgagtt attatatata gttgggtctat ctctgcagtc cttgaagggtg 2471
 aagttgtgtg ttactaggct gtgttttggg atgtcagcag tggcctgaag tgagttgtgc 2531
 aataaatgtt aagttgaaac ctcaaaaaaa a 2562

<210> 8
 <211> 531
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 8

Met	Ala	Ala	Val	Lys	Thr	Leu	Asn	Pro	Lys	Ala	Glu	Val	Ala	Arg	Ala
1				5					10					15	

Gln	Ala	Ala	Leu	Ala	Val	Asn	Ile	Ser	Ala	Ala	Arg	Gly	Leu	Gln	Asp
			20					25					30		

Val	Leu	Arg	Thr	Asn	Leu	Gly	Pro	Lys	Gly	Thr	Met	Lys	Met	Leu	Val
		35					40					45			

Ser	Gly	Ala	Gly	Asp	Ile	Lys	Leu	Thr	Lys	Asp	Gly	Asn	Val	Leu	Leu
50						55					60				

His	Glu	Met	Gln	Ile	Gln	His	Pro	Thr	Ala	Ser	Leu	Ile	Ala	Lys	Val
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

65					70					75					80
Ala	Thr	Ala	Gln	Asp	Asp	Ile	Thr	Gly	Asp	Gly	Thr	Thr	Ser	Asn	Val
				85					90					95	
Leu	Ile	Ile	Gly	Glu	Leu	Leu	Lys	Gln	Ala	Asp	Leu	Tyr	Ile	Ser	Glu
			100					105					110		
Gly	Leu	His	Pro	Arg	Ile	Ile	Thr	Glu	Gly	Phe	Glu	Ala	Ala	Lys	Glu
		115					120					125			
Lys	Ala	Leu	Gln	Phe	Leu	Glu	Glu	Val	Lys	Val	Ser	Arg	Glu	Met	Asp
	130					135					140				
Arg	Glu	Thr	Leu	Ile	Asp	Val	Ala	Arg	Thr	Ser	Leu	Arg	Thr	Lys	Val
145					150					155					160
His	Ala	Glu	Leu	Ala	Asp	Val	Leu	Thr	Glu	Ala	Val	Val	Asp	Ser	Ile
				165					170					175	
Leu	Ala	Ile	Lys	Lys	Gln	Asp	Glu	Pro	Ile	Asp	Leu	Phe	Met	Ile	Glu
			180					185					190		
Ile	Met	Glu	Met	Lys	His	Lys	Ser	Glu	Thr	Asp	Thr	Ser	Leu	Ile	Arg
		195					200					205			
Gly	Leu	Val	Leu	Asp	His	Gly	Ala	Arg	His	Pro	Asp	Met	Lys	Lys	Arg
	210					215					220				
Val	Glu	Asp	Ala	Tyr	Ile	Leu	Thr	Cys	Asn	Val	Ser	Leu	Glu	Tyr	Glu
225					230					235					240
Lys	Thr	Glu	Val	Asn	Ser	Gly	Phe	Phe	Tyr	Lys	Ser	Ala	Glu	Glu	Arg
				245					250					255	
Glu	Lys	Leu	Val	Lys	Ala	Glu	Arg	Lys	Phe	Ile	Glu	Asp	Arg	Val	Lys
			260					265					270		

Lys Ile Ile Glu Leu Lys Arg Lys Val Cys Gly Asp Ser Asp Lys Gly
275 280 285

Phe Val Val Ile Asn Gln Lys Gly Ile Asp Pro Phe Ser Leu Asp Ala
290 295 300

Leu Ser Lys Glu Gly Ile Val Ala Leu Arg Arg Ala Lys Arg Arg Asn
305 310 315 320

Met Glu Arg Leu Thr Leu Ala Cys Gly Gly Val Ala Leu Asn Ser Phe
325 330 335

Asp Asp Leu Ser Pro Asp Cys Leu Gly His Ala Gly Leu Val Tyr Glu
340 345 350

Tyr Thr Leu Gly Glu Glu Lys Phe Thr Phe Ile Glu Lys Cys Asn Asn
355 360 365

Pro Arg Ser Val Thr Leu Leu Ile Lys Gly Pro Asn Lys His Thr Leu
370 375 380

Thr Gln Ile Lys Asp Ala Val Arg Asp Gly Leu Arg Ala Val Lys Asn
385 390 395 400

Ala Ile Asp Asp Gly Cys Val Val Pro Gly Ala Gly Ala Val Glu Val
405 410 415

Ala Met Ala Glu Ala Leu Ile Lys His Lys Pro Ser Val Lys Gly Arg
420 425 430

Ala Gln Leu Gly Val Gln Ala Phe Ala Asp Ala Leu Leu Ile Ile Pro
435 440 445

Lys Val Leu Ala Gln Asn Ser Gly Phe Asp Leu Gln Glu Thr Leu Val
450 455 460

Lys Ile Gln Ala Glu His Ser Glu Ser Gly Gln Leu Val Gly Val Asp

465 470 475 480

Leu Asn Thr Gly Glu Pro Met Val Ala Ala Glu Val Gly Val Trp Asp
485 490 495

Asn Tyr Cys Val Lys Lys Gln Leu Leu His Ser Cys Thr Val Ile Ala
500 505 510

Thr Asn Ile Leu Leu Val Asp Glu Ile Met Arg Ala Gly Met Ser Ser
515 520 525

Leu Lys Gly
530

<210> 9
<211> 2208
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (230)..(1486)
<223>

<400> 9
tcttttggtt tttttggcgg agctggggcg ccttcgggaa gcgtttccaa ctttccagaa 60
gtttctcggg acgggcagga ggggggtgggg actgccatat atagatcccg ggagcagggg 120
agcgggctaa gagtagaatc gtgtcgcggc tcgagagcga gagtcacgtc ccggcgctag 180
cccagcccga cccaggccca ccgtggtgca cgcaaaccac ttcctggcc atg cgc tcc 238
Met Arg Ser
1

ctc ctg ctt ctc agc gcc ttc tgc ctc ctg gag gcg gcc ctg gcc gcc 286
Leu Leu Leu Leu Ser Ala Phe Cys Leu Leu Glu Ala Ala Leu Ala Ala
5 10 15

gag gtg aag aaa cct gca gcc gca gca gct cct ggc act gcg gag aag 334
Glu Val Lys Lys Pro Ala Ala Ala Ala Ala Pro Gly Thr Ala Glu Lys
20 25 30 35

ttg agc ccc aag gcg gcc acg ctt gcc gag cgc agc gcc ggc ctg gcc 382
Leu Ser Pro Lys Ala Ala Thr Leu Ala Glu Arg Ser Ala Gly Leu Ala

				40						45					50		
t t c	a g c	t t g	t a c	c a g	g c c	a t g	g c c	a a g	g a c	c a g	g c a	g t g	g a g	a a c	a t c		430
P h e	S e r	L e u	T y r	G l n	A l a	M e t	A l a	L y s	A s p	G l n	A l a	V a l	G l u	A s n	I l e		
			55					60					65				
c t g	g t g	t c a	c c c	g t g	g t g	g t g	g c c	t c g	t c g	c t a	g g g	c t c	g t g	t c g	c t g		478
L e u	V a l	S e r	P r o	V a l	V a l	V a l	A l a	S e r	S e r	L e u	G l y	L e u	V a l	S e r	L e u		
		70					75					80					
g g c	g g c	a a g	g c g	a c c	a c g	g c g	t c g	c a g	g c c	a a g	g c a	g t g	c t g	a g c	g c c		526
G l y	G l y	L y s	A l a	T h r	T h r	A l a	S e r	G l n	A l a	L y s	A l a	V a l	L e u	S e r	A l a		
	85					90					95						
g a g	c a g	c t g	c g c	g a c	g a g	g a g	g t g	c a c	g c c	g g c	c t g	g g c	g a g	c t g	c t g		574
G l u	G l n	L e u	A r g	A s p	G l u	G l u	V a l	H i s	A l a	G l y	L e u	G l y	G l u	L e u	L e u		
100					105					110					115		
c g c	t c a	c t c	a g c	a a c	t c c	a c g	g c g	c g c	a a c	g t g	a c c	t g g	a a g	c t g	g g c		622
A r g	S e r	L e u	S e r	A s n	S e r	T h r	A l a	A r g	A s n	V a l	T h r	T r p	L y s	L e u	G l y		
				120					125					130			
a g c	c g a	c t g	t a c	g g a	c c c	a g c	t c a	g t g	a g c	t t c	g c t	g a t	g a c	t t c	g t g		670
S e r	A r g	L e u	T y r	G l y	P r o	S e r	S e r	V a l	S e r	P h e	A l a	A s p	A s p	P h e	V a l		
			135					140					145				
c g c	a g c	a g c	a a g	c a g	c a c	t a c	a a c	t g c	g a g	c a c	t c c	a a g	a t c	a a c	t t c		718
A r g	S e r	S e r	L y s	G l n	H i s	T y r	A s n	C y s	G l u	H i s	S e r	L y s	I l e	A s n	P h e		
		150					155					160					
c g c	g a c	a a g	c g c	a g c	g c g	c t g	c a g	t c c	a t c	a a c	g a g	t g g	g c c	g c g	c a g		766
A r g	A s p	L y s	A r g	S e r	A l a	L e u	G l n	S e r	I l e	A s n	G l u	T r p	A l a	A l a	G l n		
	165					170					175						
a c c	a c c	g a c	g g c	a a g	c t g	c c c	g a g	g t c	a c c	a a g	g a c	g t g	g a g	c g c	a c g		814
T h r	T h r	A s p	G l y	L y s	L e u	P r o	G l u	V a l	T h r	L y s	A s p	V a l	G l u	A r g	T h r		
180					185					190					195		
g a c	g g c	g c c	c t g	c t a	g t c	a a c	g c c	a t g	t t c	t t c	a a g	c c a	c a c	t g g	g a t		862
A s p	G l y	A l a	L e u	L e u	V a l	A s n	A l a	M e t	P h e	P h e	L y s	P r o	H i s	T r p	A s p		
			200					205					210				
g a g	a a a	t t c	c a c	c a c	a a g	a t g	g t g	g a c	a a c	c g t	g g c	t t c	a t g	g t g	a c t		910
G l u	L y s	P h e	H i s	H i s	L y s	M e t	V a l	A s p	A s n	A r g	G l y	P h e	M e t	V a l	T h r		
			215					220					225				
c g g	t c c	t a t	a c c	g t g	g g t	g t c	a t g	a t g	a t g	c a c	c g g	a c a	g g c	c t c	t a c		958
A r g	S e r	T y r	T h r	V a l	G l y	V a l	M e t	M e t	M e t	H i s	A r g	T h r	G l y	L e u	T y r		
		230					235					240					

aac tac tac gac gac gag aag gaa aag ctg caa atc gtg gag atg ccc	1006
Asn Tyr Tyr Asp Asp Glu Lys Glu Lys Leu Gln Ile Val Glu Met Pro	
245 250 255	
ctg gcc cac aag ctc tcc agc ctc atc atc ctc atg ccc cat cac gtg	1054
Leu Ala His Lys Leu Ser Ser Leu Ile Ile Leu Met Pro His His Val	
260 265 270 275	
gag cct ctc gag cgc ctt gaa aag ctg cta acc aaa gag cag ctg aag	1102
Glu Pro Leu Glu Arg Leu Glu Lys Leu Leu Thr Lys Glu Gln Leu Lys	
280 285 290	
atc tgg atg ggg aag atg cag aag aag gct gtt gcc atc tcc ttg ccc	1150
Ile Trp Met Gly Lys Met Gln Lys Lys Ala Val Ala Ile Ser Leu Pro	
295 300 305	
aag ggt gtg gtg gag gtg acc cat gac ctg cag aaa cac ctg gct ggg	1198
Lys Gly Val Val Glu Val Thr His Asp Leu Gln Lys His Leu Ala Gly	
310 315 320	
ctg ggc ctg act gag gcc att gac aag aac aag gcc gac ttg tca cgc	1246
Leu Gly Leu Thr Glu Ala Ile Asp Lys Asn Lys Ala Asp Leu Ser Arg	
325 330 335	
atg tca ggc aag aag gac ctg tac ctg gcc agc gtg ttc cac gcc acc	1294
Met Ser Gly Lys Lys Asp Leu Tyr Leu Ala Ser Val Phe His Ala Thr	
340 345 350 355	
gcc ttt gag ttg gac aca gat ggc aac ccc ttt gac cag gac atc tac	1342
Ala Phe Glu Leu Asp Thr Asp Gly Asn Pro Phe Asp Gln Asp Ile Tyr	
360 365 370	
ggg cgc gag gag ctg cgc agc ccc aag ctg ttc tac gcc gac cac ccc	1390
Gly Arg Glu Glu Leu Arg Ser Pro Lys Leu Phe Tyr Ala Asp His Pro	
375 380 385	
ttc atc ttc cta gtg cgg gac acc caa agc ggc tcc ctg cta ttc att	1438
Phe Ile Phe Leu Val Arg Asp Thr Gln Ser Gly Ser Leu Leu Phe Ile	
390 395 400	
ggg cgc ctg gtc cgg cct aag ggt gac aag atg cga gac gag tta tag	1486
Gly Arg Leu Val Arg Pro Lys Gly Asp Lys Met Arg Asp Glu Leu	
405 410 415	
ggcctcaggg tgcacacagg atggcaggag gcateccaaag gctcctgaga cacatgggtg	1546
ctattgggggt tggggggggag gtgaggtacc agccttggat actccatggg gtgggggtgg	1606
aaaaacagac cgggggttccc gtgtgcctga gcggaccttc ccagctagaa ttcactccac	1666


```

ttggacatgg  gccccagata  ccatgatgct  gagccccgaa  actccacatc  ctgtggggacc  1726

tggggccatag  tcattcttgcc  tggcctgaaa  gtcccagatc  aagcctgcct  caatcagtat  1786

tcataatttat  agccagggtac  cttctcacct  gtgagaccaa  attgagctag  gggggtcagc  1846

cagccctctt  ctgacactaa  aacacctcag  ctgcctcccc  agctctatcc  caacctctcc  1906

caactataaaa  actagggtgct  gcagccccctg  ggaccaggca  cccccagaat  gacctggccg  1966

cagtgaggcg  gattgagaag  gagctcccag  gaggggcttc  tgggcagact  ctggtcaga  2026

agcatcgtgt  ctggcgttgt  ggggatgaac  tttttgtttt  gtttcttcct  tttttagttc  2086

ttcaaagata  gggaggggaag  ggggaacatg  agcctttgtt  gctatcaatc  caagaactta  2146

tttgtacatt  ttttttttca  ataaaacttt  tccaatgaca  ttttgttgga  gcgtggaaaa  2206

aa  2208

```

```

<210>  10
<211>  418
<212>  PRT
<213>  Homo sapiens

```

```

<400>  10

```

```

Met Arg Ser Leu Leu Leu Ser Ala Phe Cys Leu Leu Glu Ala Ala
1           5           10           15

```

```

Leu Ala Ala Glu Val Lys Lys Pro Ala Ala Ala Ala Ala Pro Gly Thr
          20           25           30

```

```

Ala Glu Lys Leu Ser Pro Lys Ala Ala Thr Leu Ala Glu Arg Ser Ala
          35           40           45

```

```

Gly Leu Ala Phe Ser Leu Tyr Gln Ala Met Ala Lys Asp Gln Ala Val
50           55           60

```

```

Glu Asn Ile Leu Val Ser Pro Val Val Val Ala Ser Ser Leu Gly Leu
65           70           75           80

```

```

Val Ser Leu Gly Gly Lys Ala Thr Thr Ala Ser Gln Ala Lys Ala Val
          85           90           95

```

Leu	Ser	Ala	Glu	Gln	Leu	Arg	Asp	Glu	Glu	Val	His	Ala	Gly	Leu	Gly	100	105	110
Glu	Leu	Leu	Arg	Ser	Leu	Ser	Asn	Ser	Thr	Ala	Arg	Asn	Val	Thr	Trp	115	120	125
Lys	Leu	Gly	Ser	Arg	Leu	Tyr	Gly	Pro	Ser	Ser	Val	Ser	Phe	Ala	Asp	130	135	140
Asp	Phe	Val	Arg	Ser	Ser	Lys	Gln	His	Tyr	Asn	Cys	Glu	His	Ser	Lys	145	150	155
Ile	Asn	Phe	Arg	Asp	Lys	Arg	Ser	Ala	Leu	Gln	Ser	Ile	Asn	Glu	Trp	165	170	175
Ala	Ala	Gln	Thr	Thr	Asp	Gly	Lys	Leu	Pro	Glu	Val	Thr	Lys	Asp	Val	180	185	190
Glu	Arg	Thr	Asp	Gly	Ala	Leu	Leu	Val	Asn	Ala	Met	Phe	Phe	Lys	Pro	195	200	205
His	Trp	Asp	Glu	Lys	Phe	His	His	Lys	Met	Val	Asp	Asn	Arg	Gly	Phe	210	215	220
Met	Val	Thr	Arg	Ser	Tyr	Thr	Val	Gly	Val	Met	Met	Met	His	Arg	Thr	225	230	235
Gly	Leu	Tyr	Asn	Tyr	Tyr	Asp	Asp	Glu	Lys	Glu	Lys	Leu	Gln	Ile	Val	245	250	255
Glu	Met	Pro	Leu	Ala	His	Lys	Leu	Ser	Ser	Leu	Ile	Ile	Leu	Met	Pro	260	265	270
His	His	Val	Glu	Pro	Leu	Glu	Arg	Leu	Glu	Lys	Leu	Leu	Thr	Lys	Glu	275	280	285

Gln Leu Lys Ile Trp Met Gly Lys Met Gln Lys Lys Ala Val Ala Ile
290 295 300

Ser Leu Pro Lys Gly Val Val Glu Val Thr His Asp Leu Gln Lys His
305 310 315 320

Leu Ala Gly Leu Gly Leu Thr Glu Ala Ile Asp Lys Asn Lys Ala Asp
325 330 335

Leu Ser Arg Met Ser Gly Lys Lys Asp Leu Tyr Leu Ala Ser Val Phe
340 345 350

His Ala Thr Ala Phe Glu Leu Asp Thr Asp Gly Asn Pro Phe Asp Gln
355 360 365

Asp Ile Tyr Gly Arg Glu Glu Leu Arg Ser Pro Lys Leu Phe Tyr Ala
370 375 380

Asp His Pro Phe Ile Phe Leu Val Arg Asp Thr Gln Ser Gly Ser Leu
385 390 395 400

Leu Phe Ile Gly Arg Leu Val Arg Pro Lys Gly Asp Lys Met Arg Asp
405 410 415

Glu Leu

<210> 11
<211> 1690
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (77)..(1429)
<223>

<400> 11
ggcacgagga aggttttttgc tgcgcccaacg cagtgaccga aggc tccgct cacgcccggc 60
ctgatacctgc ctgaag atg gtg cca ctg gtg gct gtg gta tca ggg ccc cgt 112

Met Val Pro Leu Val Ala Val Val Ser Gly Pro Arg																
1				5				10								
gcc	cag	ctc	ttt	gcc	tgc	ctg	ctc	agg	ctg	ggc	act	cag	cag	gtc	ggc	160
Ala	Gln	Leu	Phe	Ala	Cys	Leu	Leu	Arg	Leu	Gly	Thr	Gln	Gln	Val	Gly	
15				20				25								
ccc	ctt	cag	ctg	cac	acc	ggg	gcc	agg	cat	gcg	gcc	agg	aac	cat	tat	208
Pro	Leu	Gln	Leu	His	Thr	Gly	Ala	Ser	His	Ala	Ala	Arg	Asn	His	Tyr	
30				35				40								
gag	gtg	ctg	gtg	ctg	ggg	ggg	ggc	agt	ggc	gga	atc	acc	atg	gct	ggc	256
Glu	Val	Leu	Val	Leu	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Ile	Thr	Met	Ala	Ala	
45				50				55				60				
cgc	atg	aag	agg	aaa	gtg	ggg	gca	gag	aat	gtg	gcc	att	gtt	gag	ccc	304
Arg	Met	Lys	Arg	Lys	Val	Gly	Ala	Glu	Asn	Val	Ala	Ile	Val	Glu	Pro	
65				70				75								
agt	gag	aga	cat	ttc	tac	cag	cca	atc	tgg	aca	ctg	gtg	ggg	gct	ggg	352
Ser	Glu	Arg	His	Phe	Tyr	Gln	Pro	Ile	Trp	Thr	Leu	Val	Gly	Ala	Gly	
80				85				90								
gcc	aaa	caa	ttg	tcc	tca	tct	ggg	cgt	ccc	acg	gca	agt	gtg	att	cca	400
Ala	Lys	Gln	Leu	Ser	Ser	Ser	Gly	Arg	Pro	Thr	Ala	Ser	Val	Ile	Pro	
95				100				105								
tct	ggg	gta	gaa	tgg	atc	aaa	gct	aga	gtg	act	gag	ttg	aac	cca	gac	448
Ser	Gly	Val	Glu	Trp	Ile	Lys	Ala	Arg	Val	Thr	Glu	Leu	Asn	Pro	Asp	
110				115				120								
aag	aac	tgc	att	cac	aca	gat	gac	gac	gag	aag	atc	tcc	tac	cga	tat	496
Lys	Asn	Cys	Ile	His	Thr	Asp	Asp	Asp	Glu	Lys	Ile	Ser	Tyr	Arg	Tyr	
125				130				135				140				
ctt	att	att	gct	ctc	gga	atc	cag	ctg	gac	tat	gag	aag	att	aaa	ggc	544
Leu	Ile	Ile	Ala	Leu	Gly	Ile	Gln	Leu	Asp	Tyr	Glu	Lys	Ile	Lys	Gly	
145				150				155								
cta	cct	gaa	ggg	ttc	gct	cat	ccc	aaa	ata	ggg	tcg	aat	tat	tca	gtt	592
Leu	Pro	Glu	Gly	Phe	Ala	His	Pro	Lys	Ile	Gly	Ser	Asn	Tyr	Ser	Val	
160				165				170								
aag	act	gta	gag	aag	aca	tgg	aaa	gct	ctg	cag	gac	ttc	aaa	gag	ggc	640
Lys	Thr	Val	Glu	Lys	Thr	Trp	Lys	Ala	Leu	Gln	Asp	Phe	Lys	Glu	Gly	
175				180				185								
aat	gcc	atc	ttc	acc	ttc	cca	aat	act	cca	gtg	aag	tgt	gct	gga	gcc	688
Asn	Ala	Ile	Phe	Thr	Phe	Pro	Asn	Thr	Pro	Val	Lys	Cys	Ala	Gly	Ala	
190				195				200								

cct	cag	aag	atc	atg	tac	tta	tca	gaa	gcc	tac	ttc	agg	aag	aca	ggg	736
Pro	Gln	Lys	Ile	Met	Tyr	Leu	Ser	Glu	Ala	Tyr	Phe	Arg	Lys	Thr	Gly	
205					210					215					220	
aag	cga	tcc	aag	gcc	aat	atc	att	ttc	aac	act	tct	ctt	gga	gcc	att	784
Lys	Arg	Ser	Lys	Ala	Asn	Ile	Ile	Phe	Asn	Thr	Ser	Leu	Gly	Ala	Ile	
				225					230					235		
ttc	ggg	gtt	aag	aag	tat	gca	gat	gcc	ctg	cag	gag	atc	atc	cag	gag	832
Phe	Gly	Val	Lys	Lys	Tyr	Ala	Asp	Ala	Leu	Gln	Glu	Ile	Ile	Gln	Glu	
			240					245					250			
cgg	aac	ctc	act	gtt	aac	tac	aag	aaa	aac	ctc	att	gaa	gtc	cga	gcc	880
Arg	Asn	Leu	Thr	Val	Asn	Tyr	Lys	Lys	Asn	Leu	Ile	Glu	Val	Arg	Ala	
		255					260					265				
gat	aaa	caa	gag	gct	gta	ttt	gag	aac	ctg	gac	aaa	cca	gga	gag	acc	928
Asp	Lys	Gln	Glu	Ala	Val	Phe	Glu	Asn	Leu	Asp	Lys	Pro	Gly	Glu	Thr	
	270					275					280					
caa	gtg	att	tca	tat	gaa	atg	ctt	cat	gtc	aca	cct	cca	atg	agc	cca	976
Gln	Val	Ile	Ser	Tyr	Glu	Met	Leu	His	Val	Thr	Pro	Pro	Met	Ser	Pro	
285					290					295					300	
cca	gat	gtc	ctc	aag	acc	agt	cct	gtg	gct	gat	gct	gct	ggt	tgg	gtg	1024
Pro	Asp	Val	Leu	Lys	Thr	Ser	Pro	Val	Ala	Asp	Ala	Ala	Gly	Trp	Val	
				305					310					315		
gat	gtg	gat	aaa	gaa	act	ctg	caa	cac	agg	agg	tac	cca	aat	gtg	ttt	1072
Asp	Val	Asp	Lys	Glu	Thr	Leu	Gln	His	Arg	Arg	Tyr	Pro	Asn	Val	Phe	
			320					325					330			
ggg	att	ggg	gac	tgc	acc	aac	ctt	cct	acg	tca	aag	acc	gct	gct	gca	1120
Gly	Ile	Gly	Asp	Cys	Thr	Asn	Leu	Pro	Thr	Ser	Lys	Thr	Ala	Ala	Ala	
		335					340					345				
gta	gct	gcc	cag	tca	gga	ata	ctt	gat	agg	aca	att	tct	gta	att	atg	1168
Val	Ala	Ala	Gln	Ser	Gly	Ile	Leu	Asp	Arg	Thr	Ile	Ser	Val	Ile	Met	
	350					355					360					
aag	aat	caa	aca	cca	aca	aag	aag	tat	gat	ggc	tac	aca	tca	tgt	cca	1216
Lys	Asn	Gln	Thr	Pro	Thr	Lys	Lys	Tyr	Asp	Gly	Tyr	Thr	Ser	Cys	Pro	
365					370					375					380	
ctg	gtg	acc	ggc	tac	aac	cgt	gtg	att	ctt	gct	gag	ttt	gac	tac	aaa	1264
Leu	Val	Thr	Gly	Tyr	Asn	Arg	Val	Ile	Leu	Ala	Glu	Phe	Asp	Tyr	Lys	
				385					390					395		
gca	gag	ccg	cta	gaa	acc	ttc	ccc	ttt	gat	caa	agc	aaa	gag	cgc	ctt	1312

Ala Glu Pro Leu Glu Thr Phe Pro Phe Asp Gln Ser Lys Glu Arg Leu
400 405 410

tcc atg tat ctc atg aaa gct gac ctg atg cct ttc ctg tat tgg aat 1360
Ser Met Tyr Leu Met Lys Ala Asp Leu Met Pro Phe Leu Tyr Trp Asn
415 420 425

atg atg cta agg ggt tac tgg gga gga cca gcg ttt ctg cgc aag ttg 1408
Met Met Leu Arg Gly Tyr Trp Gly Gly Pro Ala Phe Leu Arg Lys Leu
430 435 440

ttt cat cta ggt atg agt taa ggatggctca gcacttgctc atcttggaatg 1459
Phe His Leu Gly Met Ser
445 450

gcttctggggc caaaactgca gtcactgaat gaccaagagc agcacgaagg acttggaacc 1519

tatccttgta aagagttcct tgatgggtaa tgggtgaccaa atgcctccct tttcagtacc 1579

tttgaacagc aaccatgttg gctactcatg atgggcttga ttctttggga ataataaaat 1639

gaaataatac ttttattttc tgaataaaaag tttgtcactg aaaaaaaaaa a 1690

<210> 12
<211> 450
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 12

Met Val Pro Leu Val Ala Val Val Ser Gly Pro Arg Ala Gln Leu Phe
1 5 10 15

Ala Cys Leu Leu Arg Leu Gly Thr Gln Gln Val Gly Pro Leu Gln Leu
20 25 30

His Thr Gly Ala Ser His Ala Ala Arg Asn His Tyr Glu Val Leu Val
35 40 45

Leu Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ile Thr Met Ala Ala Arg Met Lys Arg
50 55 60

Lys Val Gly Ala Glu Asn Val Ala Ile Val Glu Pro Ser Glu Arg His
65 70 75 80

Phe Tyr Gln Pro Ile Trp Thr Leu Val Gly Ala Gly Ala Lys Gln Leu
85 90 95

Ser Ser Ser Gly Arg Pro Thr Ala Ser Val Ile Pro Ser Gly Val Glu
100 105 110

Trp Ile Lys Ala Arg Val Thr Glu Leu Asn Pro Asp Lys Asn Cys Ile
115 120 125

His Thr Asp Asp Asp Glu Lys Ile Ser Tyr Arg Tyr Leu Ile Ile Ala
130 135 140

Leu Gly Ile Gln Leu Asp Tyr Glu Lys Ile Lys Gly Leu Pro Glu Gly
145 150 155 160

Phe Ala His Pro Lys Ile Gly Ser Asn Tyr Ser Val Lys Thr Val Glu
165 170 175

Lys Thr Trp Lys Ala Leu Gln Asp Phe Lys Glu Gly Asn Ala Ile Phe
180 185 190

Thr Phe Pro Asn Thr Pro Val Lys Cys Ala Gly Ala Pro Gln Lys Ile
195 200 205

Met Tyr Leu Ser Glu Ala Tyr Phe Arg Lys Thr Gly Lys Arg Ser Lys
210 215 220

Ala Asn Ile Ile Phe Asn Thr Ser Leu Gly Ala Ile Phe Gly Val Lys
225 230 235 240

Lys Tyr Ala Asp Ala Leu Gln Glu Ile Ile Gln Glu Arg Asn Leu Thr
245 250 255

Val Asn Tyr Lys Lys Asn Leu Ile Glu Val Arg Ala Asp Lys Gln Glu
260 265 270

Ala Val Phe Glu Asn Leu Asp Lys Pro Gly Glu Thr Gln Val Ile Ser

275

280

285

Tyr Glu Met Leu His Val Thr Pro Pro Met Ser Pro Pro Asp Val Leu
 290 295 300

Lys Thr Ser Pro Val Ala Asp Ala Ala Gly Trp Val Asp Val Asp Lys
 305 310 315 320

Glu Thr Leu Gln His Arg Arg Tyr Pro Asn Val Phe Gly Ile Gly Asp
 325 330 335

Cys Thr Asn Leu Pro Thr Ser Lys Thr Ala Ala Ala Val Ala Ala Gln
 340 345 350

Ser Gly Ile Leu Asp Arg Thr Ile Ser Val Ile Met Lys Asn Gln Thr
 355 360 365

Pro Thr Lys Lys Tyr Asp Gly Tyr Thr Ser Cys Pro Leu Val Thr Gly
 370 375 380

Tyr Asn Arg Val Ile Leu Ala Glu Phe Asp Tyr Lys Ala Glu Pro Leu
 385 390 395 400

Glu Thr Phe Pro Phe Asp Gln Ser Lys Glu Arg Leu Ser Met Tyr Leu
 405 410 415

Met Lys Ala Asp Leu Met Pro Phe Leu Tyr Trp Asn Met Met Leu Arg
 420 425 430

Gly Tyr Trp Gly Gly Pro Ala Phe Leu Arg Lys Leu Phe His Leu Gly
 435 440 445

Met Ser
 450

<210> 13

<211> 2593

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (49)..(2259)

<223>

<400> 13

ggccagcgcgcg tctgcttggtt cgtgtgtgtg tcgttgcagg ccttattc atg ggc tca 57

Met Gly Ser

1

ccg ctg agg ttc gac ggg cgg gtg gta ctg gtc acc ggc gcg ggg gca 105

Pro Leu Arg Phe Asp Gly Arg Val Val Leu Val Thr Gly Ala Gly Ala

5

10

15

gga ttg ggc cga gcc tat gcc ctg gct ttt gca gaa aga gga gcg tta 153

Gly Leu Gly Arg Ala Tyr Ala Leu Ala Phe Ala Glu Arg Gly Ala Leu

20

25

30

35

gtt gtt gtg aat gat ttg gga ggg gac ttc aaa gga gtt ggt aaa ggc 201

Val Val Val Asn Asp Leu Gly Gly Asp Phe Lys Gly Val Gly Lys Gly

40

45

50

tcc tta gct gct gat aag gtt gtt gaa gaa ata aga agg aga ggt gga 249

Ser Leu Ala Ala Asp Lys Val Val Glu Glu Ile Arg Arg Arg Gly Gly

55

60

65

aaa gca gtg gcc aac tat gat tca gtg gaa gaa gga gag aag gtt gtg 297

Lys Ala Val Ala Asn Tyr Asp Ser Val Glu Glu Gly Glu Lys Val Val

70

75

80

aag aca gcc ctg gat gct ttt gga aga ata gat gtt gtg gtc aac aat 345

Lys Thr Ala Leu Asp Ala Phe Gly Arg Ile Asp Val Val Val Asn Asn

85

90

95

gct gga att ctg agg gat cgt tcc ttt gct agg ata agt gat gaa gac 393

Ala Gly Ile Leu Arg Asp Arg Ser Phe Ala Arg Ile Ser Asp Glu Asp

100

105

110

115

tgg gat ata atc cac aga gtt cat ttg cgg ggt tca ttc caa gtg aca 441

Trp Asp Ile Ile His Arg Val His Leu Arg Gly Ser Phe Gln Val Thr

120

125

130

cgg gca gca tgg gaa cac atg aag aaa cag aag tat gga agg att att 489

Arg Ala Ala Trp Glu His Met Lys Lys Gln Lys Tyr Gly Arg Ile Ile

135

140

145

atg act tca tca gct tca gga ata tat ggc aac ttt ggc cag gcc aat 537

Met Thr Ser Ser Ala Ser Gly Ile Tyr Gly Asn Phe Gly Gln Ala Asn

150					155					160						
tat	agt	gct	gca	aag	ttg	ggg	ctt	ctg	ggc	ctt	gca	aat	tct	ctt	gca	585
Tyr	Ser	Ala	Ala	Lys	Leu	Gly	Leu	Leu	Gly	Leu	Ala	Asn	Ser	Leu	Ala	
165					170					175						
att	gaa	ggc	agg	aaa	agc	aac	att	cat	tgt	aac	acc	att	gct	cct	aat	633
Ile	Glu	Gly	Arg	Lys	Ser	Asn	Ile	His	Cys	Asn	Thr	Ile	Ala	Pro	Asn	
180					185					190					195	
gcg	gga	tca	cgg	atg	act	cag	aca	gtt	atg	cct	gaa	gat	ctt	gtg	gaa	681
Ala	Gly	Ser	Arg	Met	Thr	Gln	Thr	Val	Met	Pro	Glu	Asp	Leu	Val	Glu	
200					205					210						
gcc	ctg	aag	cca	gag	tat	gtg	gca	cct	ctt	gtc	ctt	tgg	ctt	tgt	cac	729
Ala	Leu	Lys	Pro	Glu	Tyr	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Leu	Trp	Leu	Cys	His	
215					220					225						
gag	agt	tgt	gag	gag	aat	ggg	ggc	ttg	ttt	gag	gtt	gga	gca	gga	tgg	777
Glu	Ser	Cys	Glu	Glu	Asn	Gly	Gly	Leu	Phe	Glu	Val	Gly	Ala	Gly	Trp	
230					235					240						
att	gga	aaa	tta	cgc	tgg	gag	cgg	act	ctt	gga	gct	att	gta	aga	caa	825
Ile	Gly	Lys	Leu	Arg	Trp	Glu	Arg	Thr	Leu	Gly	Ala	Ile	Val	Arg	Gln	
245					250					255						
aag	aat	cac	cca	atg	act	cct	gag	gca	gtc	aag	gct	aac	tgg	aag	aag	873
Lys	Asn	His	Pro	Met	Thr	Pro	Glu	Ala	Val	Lys	Ala	Asn	Trp	Lys	Lys	
260					265					270					275	
atc	tgt	gac	ttt	gag	aat	gcc	agc	aag	cct	cag	agt	atc	caa	gaa	tca	921
Ile	Cys	Asp	Phe	Glu	Asn	Ala	Ser	Lys	Pro	Gln	Ser	Ile	Gln	Glu	Ser	
280					285					290						
act	ggc	agt	ata	att	gaa	gtt	ctg	agt	aaa	ata	gat	tca	gaa	gga	gga	969
Thr	Gly	Ser	Ile	Ile	Glu	Val	Leu	Ser	Lys	Ile	Asp	Ser	Glu	Gly	Gly	
295					300					305						
gtt	tca	gca	aat	cat	act	agt	cgt	gca	acg	tct	aca	gca	aca	tca	gga	1017
Val	Ser	Ala	Asn	His	Thr	Ser	Arg	Ala	Thr	Ser	Thr	Ala	Thr	Ser	Gly	
310					315					320						
ttt	gct	gga	gct	att	ggc	cag	aaa	ctc	cct	cca	ttt	tct	tat	gct	tat	1065
Phe	Ala	Gly	Ala	Ile	Gly	Gln	Lys	Leu	Pro	Pro	Phe	Ser	Tyr	Ala	Tyr	
325					330					335						
acg	gaa	ctg	gaa	gct	att	atg	tat	gcc	ctt	gga	gtg	gga	gcg	tca	atc	1113
Thr	Glu	Leu	Glu	Ala	Ile	Met	Tyr	Ala	Leu	Gly	Val	Gly	Ala	Ser	Ile	
340					345					350					355	

aag gat cca aaa gat ttg aaa ttt att tat gaa gga agt tct gat ttc	1161
Lys Asp Pro Lys Asp Leu Lys Phe Ile Tyr Glu Gly Ser Ser Asp Phe	
360 365 370	
tcc tgt ttg ccc acc ttc gga gtt atc ata ggt cag aaa tct atg atg	1209
Ser Cys Leu Pro Thr Phe Gly Val Ile Ile Gly Gln Lys Ser Met Met	
375 380 385	
ggg gga gga tta gca gaa att cct gga ctt tca atc aac ttt gca aag	1257
Gly Gly Gly Leu Ala Glu Ile Pro Gly Leu Ser Ile Asn Phe Ala Lys	
390 395 400	
gtt ctt cat gga gag cag tac tta gag tta tat aaa cca ctt ccc aga	1305
Val Leu His Gly Glu Gln Tyr Leu Glu Leu Tyr Lys Pro Leu Pro Arg	
405 410 415	
gca gga aaa tta aaa tgt gaa gca gtt gtt gct gat gtc cta gat aaa	1353
Ala Gly Lys Leu Lys Cys Glu Ala Val Val Ala Asp Val Leu Asp Lys	
420 425 430 435	
gga tcc ggt gta gtg att att atg gat gtc tat tct tat tct gag aag	1401
Gly Ser Gly Val Val Ile Ile Met Asp Val Tyr Ser Tyr Ser Glu Lys	
440 445 450	
gaa ctt ata tgc cac aat cag ttc tct ctc ttt ctt gtt ggc tct gga	1449
Glu Leu Ile Cys His Asn Gln Phe Ser Leu Phe Leu Val Gly Ser Gly	
455 460 465	
ggc ttt ggt gga aaa cgg aca tca gac aaa gtc aag gta gct gta gcc	1497
Gly Phe Gly Gly Lys Arg Thr Ser Asp Lys Val Lys Val Ala Val Ala	
470 475 480	
ata cct aat aga cct cct gat gct gta ctt aca gat acc acc tct ctt	1545
Ile Pro Asn Arg Pro Pro Asp Ala Val Leu Thr Asp Thr Thr Ser Leu	
485 490 495	
aat cag gct gct ttg tac cgc ctc agt gga gac tgg aat ccc tta cac	1593
Asn Gln Ala Ala Leu Tyr Arg Leu Ser Gly Asp Trp Asn Pro Leu His	
500 505 510 515	
att gat cct aac ttt gct agt cta gca ggt ttt gac aag ccc ata tta	1641
Ile Asp Pro Asn Phe Ala Ser Leu Ala Gly Phe Asp Lys Pro Ile Leu	
520 525 530	
cat gga tta tgt aca ttt gga ttt tct gcc agg cgt gtg tta cag cag	1689
His Gly Leu Cys Thr Phe Gly Phe Ser Ala Arg Arg Val Leu Gln Gln	
535 540 545	
ttt gca gat aat gat gtg tca aga ttc aag gca att aag gct cgt ttt	1737
Phe Ala Asp Asn Asp Val Ser Arg Phe Lys Ala Ile Lys Ala Arg Phe	

550					555					560							
gca	aaa	cca	gta	tat	cca	gga	caa	act	cta	caa	act	gag	atg	tgg	aag	1785	
Ala	Lys	Pro	Val	Tyr	Pro	Gly	Gln	Thr	Leu	Gln	Thr	Glu	Met	Trp	Lys		
565					570					575							
gaa	gga	aac	aga	att	cat	ttt	caa	acc	aag	gtc	caa	gaa	act	gga	gac	1833	
Glu	Gly	Asn	Arg	Ile	His	Phe	Gln	Thr	Lys	Val	Gln	Glu	Thr	Gly	Asp		
580					585					590					595		
att	gtc	att	tca	aat	gca	tat	gtg	gat	ctt	gca	cca	aca	tct	ggg	act	1881	
Ile	Val	Ile	Ser	Asn	Ala	Tyr	Val	Asp	Leu	Ala	Pro	Thr	Ser	Gly	Thr		
600					605					610							
tca	gct	aag	aca	ccc	tct	gag	ggc	ggg	aag	ctt	cag	agt	acc	ttt	gta	1929	
Ser	Ala	Lys	Thr	Pro	Ser	Glu	Gly	Gly	Lys	Leu	Gln	Ser	Thr	Phe	Val		
615					620					625							
ttt	gag	gaa	ata	gga	cgc	cgc	cta	aag	gat	att	ggg	cct	gag	gtg	gtg	1977	
Phe	Glu	Glu	Ile	Gly	Arg	Arg	Leu	Lys	Asp	Ile	Gly	Pro	Glu	Val	Val		
630					635					640							
aag	aaa	gta	aat	gct	gta	ttt	gag	tgg	cat	ata	acc	aaa	ggc	gga	aat	2025	
Lys	Lys	Val	Asn	Ala	Val	Phe	Glu	Trp	His	Ile	Thr	Lys	Gly	Gly	Asn		
645					650					655							
att	ggg	gct	aag	tgg	act	att	gac	ctg	aaa	agt	ggg	tct	gga	aaa	gtg	2073	
Ile	Gly	Ala	Lys	Trp	Thr	Ile	Asp	Leu	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Lys	Val		
660					665					670					675		
tac	caa	ggc	cct	gca	aaa	ggg	gct	gct	gat	aca	aca	atc	ata	ctt	tca	2121	
Tyr	Gln	Gly	Pro	Ala	Lys	Gly	Ala	Ala	Asp	Thr	Thr	Ile	Ile	Leu	Ser		
680					685					690							
gat	gaa	gat	ttc	atg	gag	gtg	gtc	ctg	ggc	aag	ctt	gac	cct	cag	aag	2169	
Asp	Glu	Asp	Phe	Met	Glu	Val	Val	Leu	Gly	Lys	Leu	Asp	Pro	Gln	Lys		
695					700					705							
gca	ttc	ttt	agt	ggc	agg	ctg	aag	gcc	aga	ggg	aac	atc	atg	ctg	agg	2217	
Ala	Phe	Phe	Ser	Gly	Arg	Leu	Lys	Ala	Arg	Gly	Asn	Ile	Met	Leu	Ser		
710					715					720							
cag	aaa	ctt	cag	atg	att	ctt	aaa	gac	tac	gcc	aag	ctc	tga			2259	
Gln	Lys	Leu	Gln	Met	Ile	Leu	Lys	Asp	Tyr	Ala	Lys	Leu					
725					730					735							
agggcacact acactatttaa taaaaatgga atcattaaat actctcttca cccaaatatg															2319		
cttgattatt ctgcaaaagt gattagaact aagatgcagg ggaaattgct taacattttc															2379		

```

agataatcaga taactgcaga ttttcatttt ctactaatft tcatgtatca ttatttttac 2439
aaggaactat atataagcta gcacatgatt atccttctgt tcttagatct gtatcttcat 2499
aataaaaaat tttgcccgaag tcctgtttcc ttagaatttg tgatagcatt gataagttga 2559
aaggaaaatt aaatcaataa aggcctttga tacc 2593

```

```

<210> 14
<211> 736
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 14

```

```

Met Gly Ser Pro Leu Arg Phe Asp Gly Arg Val Val Leu Val Thr Gly
1          5          10          15

```

```

Ala Gly Ala Gly Leu Gly Arg Ala Tyr Ala Leu Ala Phe Ala Glu Arg
          20          25          30

```

```

Gly Ala Leu Val Val Val Asn Asp Leu Gly Gly Asp Phe Lys Gly Val
          35          40          45

```

```

Gly Lys Gly Ser Leu Ala Ala Asp Lys Val Val Glu Glu Ile Arg Arg
          50          55          60

```

```

Arg Gly Gly Lys Ala Val Ala Asn Tyr Asp Ser Val Glu Glu Gly Glu
65          70          75          80

```

```

Lys Val Val Lys Thr Ala Leu Asp Ala Phe Gly Arg Ile Asp Val Val
          85          90          95

```

```

Val Asn Asn Ala Gly Ile Leu Arg Asp Arg Ser Phe Ala Arg Ile Ser
          100          105          110

```

```

Asp Glu Asp Trp Asp Ile Ile His Arg Val His Leu Arg Gly Ser Phe
          115          120          125

```

```

Gln Val Thr Arg Ala Ala Trp Glu His Met Lys Lys Gln Lys Tyr Gly
          130          135          140

```

Arg	Ile	Ile	Met	Thr	Ser	Ser	Ala	Ser	Gly	Ile	Tyr	Gly	Asn	Phe	Gly	145	150	155	160
Gln	Ala	Asn	Tyr	Ser	Ala	Ala	Lys	Leu	Gly	Leu	Leu	Gly	Leu	Ala	Asn	165	170	175	
Ser	Leu	Ala	Ile	Glu	Gly	Arg	Lys	Ser	Asn	Ile	His	Cys	Asn	Thr	Ile	180	185	190	
Ala	Pro	Asn	Ala	Gly	Ser	Arg	Met	Thr	Gln	Thr	Val	Met	Pro	Glu	Asp	195	200	205	
Leu	Val	Glu	Ala	Leu	Lys	Pro	Glu	Tyr	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Leu	Trp	210	215	220	
Leu	Cys	His	Glu	Ser	Cys	Glu	Glu	Asn	Gly	Gly	Leu	Phe	Glu	Val	Gly	225	230	235	240
Ala	Gly	Trp	Ile	Gly	Lys	Leu	Arg	Trp	Glu	Arg	Thr	Leu	Gly	Ala	Ile	245	250	255	
Val	Arg	Gln	Lys	Asn	His	Pro	Met	Thr	Pro	Glu	Ala	Val	Lys	Ala	Asn	260	265	270	
Trp	Lys	Lys	Ile	Cys	Asp	Phe	Glu	Asn	Ala	Ser	Lys	Pro	Gln	Ser	Ile	275	280	285	
Gln	Glu	Ser	Thr	Gly	Ser	Ile	Ile	Glu	Val	Leu	Ser	Lys	Ile	Asp	Ser	290	295	300	
Glu	Gly	Gly	Val	Ser	Ala	Asn	His	Thr	Ser	Arg	Ala	Thr	Ser	Thr	Ala	305	310	315	320
Thr	Ser	Gly	Phe	Ala	Gly	Ala	Ile	Gly	Gln	Lys	Leu	Pro	Pro	Phe	Ser	325	330	335	

Tyr Ala Tyr Thr Glu Leu Glu Ala Ile Met Tyr Ala Leu Gly Val Gly
340 345 350

Ala Ser Ile Lys Asp Pro Lys Asp Leu Lys Phe Ile Tyr Glu Gly Ser
355 360 365

Ser Asp Phe Ser Cys Leu Pro Thr Phe Gly Val Ile Ile Gly Gln Lys
370 375 380

Ser Met Met Gly Gly Gly Leu Ala Glu Ile Pro Gly Leu Ser Ile Asn
385 390 395 400

Phe Ala Lys Val Leu His Gly Glu Gln Tyr Leu Glu Leu Tyr Lys Pro
405 410 415

Leu Pro Arg Ala Gly Lys Leu Lys Cys Glu Ala Val Val Ala Asp Val
420 425 430

Leu Asp Lys Gly Ser Gly Val Val Ile Ile Met Asp Val Tyr Ser Tyr
435 440 445

Ser Glu Lys Glu Leu Ile Cys His Asn Gln Phe Ser Leu Phe Leu Val
450 455 460

Gly Ser Gly Gly Phe Gly Gly Lys Arg Thr Ser Asp Lys Val Lys Val
465 470 475 480

Ala Val Ala Ile Pro Asn Arg Pro Pro Asp Ala Val Leu Thr Asp Thr
485 490 495

Thr Ser Leu Asn Gln Ala Ala Leu Tyr Arg Leu Ser Gly Asp Trp Asn
500 505 510

Pro Leu His Ile Asp Pro Asn Phe Ala Ser Leu Ala Gly Phe Asp Lys
515 520 525

Pro Ile Leu His Gly Leu Cys Thr Phe Gly Phe Ser Ala Arg Arg Val
530 535 540

Leu Gln Gln Phe Ala Asp Asn Asp Val Ser Arg Phe Lys Ala Ile Lys
545 550 555 560

Ala Arg Phe Ala Lys Pro Val Tyr Pro Gly Gln Thr Leu Gln Thr Glu
565 570 575

Met Trp Lys Glu Gly Asn Arg Ile His Phe Gln Thr Lys Val Gln Glu
580 585 590

Thr Gly Asp Ile Val Ile Ser Asn Ala Tyr Val Asp Leu Ala Pro Thr
595 600 605

Ser Gly Thr Ser Ala Lys Thr Pro Ser Glu Gly Gly Lys Leu Gln Ser
610 615 620

Thr Phe Val Phe Glu Glu Ile Gly Arg Arg Leu Lys Asp Ile Gly Pro
625 630 635 640

Glu Val Val Lys Lys Val Asn Ala Val Phe Glu Trp His Ile Thr Lys
645 650 655

Gly Gly Asn Ile Gly Ala Lys Trp Thr Ile Asp Leu Lys Ser Gly Ser
660 665 670

Gly Lys Val Tyr Gln Gly Pro Ala Lys Gly Ala Ala Asp Thr Thr Ile
675 680 685

Ile Leu Ser Asp Glu Asp Phe Met Glu Val Val Leu Gly Lys Leu Asp
690 695 700

Pro Gln Lys Ala Phe Phe Ser Gly Arg Leu Lys Ala Arg Gly Asn Ile
705 710 715 720

Met Leu Ser Gln Lys Leu Gln Met Ile Leu Lys Asp Tyr Ala Lys Leu
725 730 735

<210> 15
<211> 2113
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (63)..(1694)
<223>

<400> 15
gtgcggttgg gaacgcggag cggacggatt cgattcaacg gggttccgga ccgcgctgcg 60

ct atg gag cag gtc aat gag ctg aag gag aaa ggc aac aag gcc ctg 107
Met Glu Gln Val Asn Glu Leu Lys Glu Lys Gly Asn Lys Ala Leu
1 5 10 15

agc gtg ggt aac atc gat gat gcc tta cag tgc tac tcc gaa gct att 155
Ser Val Gly Asn Ile Asp Asp Ala Leu Gln Cys Tyr Ser Glu Ala Ile
20 25 30

aag ctg gat ccc cac aac cac gtg ctg tac agc aac cgt tct gct gcc 203
Lys Leu Asp Pro His Asn His Val Leu Tyr Ser Asn Arg Ser Ala Ala
35 40 45

tat gcc aag aaa gga gac tac cag aag gct tat gag gat ggc tgc aag 251
Tyr Ala Lys Lys Gly Asp Tyr Gln Lys Ala Tyr Glu Asp Gly Cys Lys
50 55 60

act gtc gac cta aag cct gac tgg ggc aag ggc tat tca cga aaa gca 299
Thr Val Asp Leu Lys Pro Asp Trp Gly Lys Gly Tyr Ser Arg Lys Ala
65 70 75

gca gct cta gag ttc tta aac cgc ttt gaa gaa gcc aag cga acc tat 347
Ala Ala Leu Glu Phe Leu Asn Arg Phe Glu Glu Ala Lys Arg Thr Tyr
80 85 90 95

gag gag ggc tta aaa cac gag gca aat aac cct caa ctg aaa gag ggt 395
Glu Glu Gly Leu Lys His Glu Ala Asn Asn Pro Gln Leu Lys Glu Gly
100 105 110

tta cag aat atg gag gcc agg ttg gca gag aga aaa ttc atg aac cct 443
Leu Gln Asn Met Glu Ala Arg Leu Ala Glu Arg Lys Phe Met Asn Pro
115 120 125

ttc aac atg cct aat ctg tat cag aag ttg gag agt gat ccc agg aca 491
Phe Asn Met Pro Asn Leu Tyr Gln Lys Leu Glu Ser Asp Pro Arg Thr
130 135 140

agg aca cta ctc agt gat cct acc tac cgg gag ctg ata gag cag cta 539

Arg	Thr	Leu	Leu	Ser	Asp	Pro	Thr	Tyr	Arg	Glu	Leu	Ile	Glu	Gln	Leu	
	145					150					155					
cga	aac	aag	cct	tct	gac	ctg	ggc	acg	aaa	cta	caa	gat	ccc	cgg	atc	587
Arg	Asn	Lys	Pro	Ser	Asp	Leu	Gly	Thr	Lys	Leu	Gln	Asp	Pro	Arg	Ile	
160					165					170					175	
atg	acc	act	ctc	agc	gtc	ctc	ctt	ggg	gtc	gat	ctg	ggc	agt	atg	gat	635
Met	Thr	Thr	Leu	Ser	Val	Leu	Leu	Gly	Val	Asp	Leu	Gly	Ser	Met	Asp	
				180					185					190		
gag	gag	gaa	gag	att	gca	aca	cct	cca	cca	cca	ccc	cct	ccc	aaa	aag	683
Glu	Glu	Glu	Glu	Ile	Ala	Thr	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Lys	Lys	
			195					200					205			
gag	acc	aag	cca	gag	cca	atg	gaa	gaa	gat	ctt	cca	gag	aat	aag	aag	731
Glu	Thr	Lys	Pro	Glu	Pro	Met	Glu	Glu	Asp	Leu	Pro	Glu	Asn	Lys	Lys	
		210					215					220				
cag	gca	ctg	aaa	gaa	aaa	gag	ctg	ggg	aac	gat	gcc	tac	aag	aag	aaa	779
Gln	Ala	Leu	Lys	Glu	Lys	Glu	Leu	Gly	Asn	Asp	Ala	Tyr	Lys	Lys	Lys	
	225					230					235					
gac	ttt	gac	aca	gcc	ttg	aag	cat	tac	gac	aaa	gcc	aag	gag	ctg	gac	827
Asp	Phe	Asp	Thr	Ala	Leu	Lys	His	Tyr	Asp	Lys	Ala	Lys	Glu	Leu	Asp	
240					245					250					255	
ccc	act	aac	atg	act	tac	att	acc	aat	caa	gca	gcg	gta	tac	ttt	gaa	875
Pro	Thr	Asn	Met	Thr	Tyr	Ile	Thr	Asn	Gln	Ala	Ala	Val	Tyr	Phe	Glu	
				260					265					270		
aag	ggc	gac	tac	aat	aag	tgc	cgg	gag	ctt	tgt	gag	aag	gcc	att	gaa	923
Lys	Gly	Asp	Tyr	Asn	Lys	Cys	Arg	Glu	Leu	Cys	Glu	Lys	Ala	Ile	Glu	
			275					280					285			
gtg	ggg	aga	gaa	aac	cga	gaa	gac	tat	cga	cag	att	gcc	aaa	gca	tat	971
Val	Gly	Arg	Glu	Asn	Arg	Glu	Asp	Tyr	Arg	Gln	Ile	Ala	Lys	Ala	Tyr	
		290					295					300				
gct	cga	att	ggc	aac	tcc	tac	ttc	aaa	gaa	gaa	aag	tac	aag	gat	gcc	1019
Ala	Arg	Ile	Gly	Asn	Ser	Tyr	Phe	Lys	Glu	Glu	Lys	Tyr	Lys	Asp	Ala	
	305					310					315					
atc	cat	ttc	tat	aac	aag	tct	ctg	gca	gag	cac	cga	acc	cca	gat	gtg	1067
Ile	His	Phe	Tyr	Asn	Lys	Ser	Leu	Ala	Glu	His	Arg	Thr	Pro	Asp	Val	
320					325					330					335	
ctc	aag	aaa	tgc	cag	cag	gca	gag	aaa	atc	ctg	aag	gag	caa	gag	cgg	1115
Leu	Lys	Lys	Cys	Gln	Gln	Ala	Glu	Lys	Ile	Leu	Lys	Glu	Gln	Glu	Arg	
				340					345					350		

ctg gcc tac ata aac ccc gac ctg gct ttg gag gag aag aac aaa ggc	1163
Leu Ala Tyr Ile Asn Pro Asp Leu Ala Leu Glu Glu Lys Asn Lys Gly	
355 360 365	
aac gag tgt ttt cag aaa ggg gac tat ccc cag gcc atg aag cat tat	1211
Asn Glu Cys Phe Gln Lys Gly Asp Tyr Pro Gln Ala Met Lys His Tyr	
370 375 380	
aca gaa gcc atc aaa agg aac ccg aaa gat gcc aaa tta tac agc aat	1259
Thr Glu Ala Ile Lys Arg Asn Pro Lys Asp Ala Lys Leu Tyr Ser Asn	
385 390 395	
cga gct gcc tgc tac acc aaa ctc ctg gag ttc cag ctg gca ctc aag	1307
Arg Ala Ala Cys Tyr Thr Lys Leu Leu Glu Phe Gln Leu Ala Leu Lys	
400 405 410 415	
gac tgt gag gaa tgt atc cag ctg gag ccg acc ttc atc aag ggt tat	1355
Asp Cys Glu Glu Cys Ile Gln Leu Glu Pro Thr Phe Ile Lys Gly Tyr	
420 425 430	
aca cgg aaa gcc gct gcg ctg gaa gcg atg aag gac tac acc aaa gcc	1403
Thr Arg Lys Ala Ala Ala Leu Glu Ala Met Lys Asp Tyr Thr Lys Ala	
435 440 445	
atg gat gtg tac cag aag gcg cta gac ctg gac tcc agc tgt aag gag	1451
Met Asp Val Tyr Gln Lys Ala Leu Asp Leu Asp Ser Ser Cys Lys Glu	
450 455 460	
gcg gca gac ggc tac cag cgc tgt atg atg gcg cag tac aac cgg cac	1499
Ala Ala Asp Gly Tyr Gln Arg Cys Met Met Ala Gln Tyr Asn Arg His	
465 470 475	
gac agc ccc gaa gat gtg aag cga cga gcc atg gcc gac cct gag gtg	1547
Asp Ser Pro Glu Asp Val Lys Arg Arg Ala Met Ala Asp Pro Glu Val	
480 485 490 495	
cag cag atc atg agt gac cca gcc atg cgc ctt atc ctg gaa cag atg	1595
Gln Gln Ile Met Ser Asp Pro Ala Met Arg Leu Ile Leu Glu Gln Met	
500 505 510	
cag aag gac ccc cag gca ctc agc gaa cac tta aag aat cct gta ata	1643
Gln Lys Asp Pro Gln Ala Leu Ser Glu His Leu Lys Asn Pro Val Ile	
515 520 525	
gca cag aag atc cag aag ctg atg gat gtg ggt ctg att gca att cgg	1691
Ala Gln Lys Ile Gln Lys Leu Met Asp Val Gly Leu Ile Ala Ile Arg	
530 535 540	
tga tgacttggttc atccccctt cccttcgccc tcatgtggaa agaggagctg	1744

```

ggaccgcggc gagcagcacg gagcgggaagg gagagcaggg gagagaaggc ctcattcttc 1804
tatatttata cataaccccg gggaagacac agagaactcgt acctgcgctg tttgtgccgc 1864
cgetgcctct gggccctccc agcacacgca tgggtctcttc accgctgccc tcgagttcca 1924
tgtctctttc ccctgccccct agttgctgtc tcggctgctc tcccatagtt ggtttttttt 1984
ttatttgggg cagtgggcat gttatgggga ggggaggggg ttcttccagc ctcaggctccc 2044
agctgtctca cgttgtttat tctgcgtccc cttctccaat aaaacaagcc agttgggcgt 2104
ggttataac 2113

```

```

<210> 16
<211> 543
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 16

```

```

Met Glu Gln Val Asn Glu Leu Lys Glu Lys Gly Asn Lys Ala Leu Ser
1          5          10          15

```

```

Val Gly Asn Ile Asp Asp Ala Leu Gln Cys Tyr Ser Glu Ala Ile Lys
          20          25          30

```

```

Leu Asp Pro His Asn His Val Leu Tyr Ser Asn Arg Ser Ala Ala Tyr
          35          40          45

```

```

Ala Lys Lys Gly Asp Tyr Gln Lys Ala Tyr Glu Asp Gly Cys Lys Thr
          50          55          60

```

```

Val Asp Leu Lys Pro Asp Trp Gly Lys Gly Tyr Ser Arg Lys Ala Ala
65          70          75          80

```

```

Ala Leu Glu Phe Leu Asn Arg Phe Glu Glu Ala Lys Arg Thr Tyr Glu
          85          90          95

```

```

Glu Gly Leu Lys His Glu Ala Asn Asn Pro Gln Leu Lys Glu Gly Leu
          100          105          110

```

Gln Asn Met Glu Ala Arg Leu Ala Glu Arg Lys Phe Met Asn Pro Phe
115 120 125

Asn Met Pro Asn Leu Tyr Gln Lys Leu Glu Ser Asp Pro Arg Thr Arg
130 135 140

Thr Leu Leu Ser Asp Pro Thr Tyr Arg Glu Leu Ile Glu Gln Leu Arg
145 150 155 160

Asn Lys Pro Ser Asp Leu Gly Thr Lys Leu Gln Asp Pro Arg Ile Met
165 170 175

Thr Thr Leu Ser Val Leu Leu Gly Val Asp Leu Gly Ser Met Asp Glu
180 185 190

Glu Glu Glu Ile Ala Thr Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Lys Lys Glu
195 200 205

Thr Lys Pro Glu Pro Met Glu Glu Asp Leu Pro Glu Asn Lys Lys Gln
210 215 220

Ala Leu Lys Glu Lys Glu Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Lys Lys Lys Asp
225 230 235 240

Phe Asp Thr Ala Leu Lys His Tyr Asp Lys Ala Lys Glu Leu Asp Pro
245 250 255

Thr Asn Met Thr Tyr Ile Thr Asn Gln Ala Ala Val Tyr Phe Glu Lys
260 265 270

Gly Asp Tyr Asn Lys Cys Arg Glu Leu Cys Glu Lys Ala Ile Glu Val
275 280 285

Gly Arg Glu Asn Arg Glu Asp Tyr Arg Gln Ile Ala Lys Ala Tyr Ala
290 295 300

Arg Ile Gly Asn Ser Tyr Phe Lys Glu Glu Lys Tyr Lys Asp Ala Ile

305 310 315 320

His Phe Tyr Asn Lys Ser Leu Ala Glu His Arg Thr Pro Asp Val Leu
325 330 335

Lys Lys Cys Gln Gln Ala Glu Lys Ile Leu Lys Glu Gln Glu Arg Leu
340 345 350

Ala Tyr Ile Asn Pro Asp Leu Ala Leu Glu Glu Lys Asn Lys Gly Asn
355 360 365

Glu Cys Phe Gln Lys Gly Asp Tyr Pro Gln Ala Met Lys His Tyr Thr
370 375 380

Glu Ala Ile Lys Arg Asn Pro Lys Asp Ala Lys Leu Tyr Ser Asn Arg
385 390 395 400

Ala Ala Cys Tyr Thr Lys Leu Leu Glu Phe Gln Leu Ala Leu Lys Asp
405 410 415

Cys Glu Glu Cys Ile Gln Leu Glu Pro Thr Phe Ile Lys Gly Tyr Thr
420 425 430

Arg Lys Ala Ala Ala Leu Glu Ala Met Lys Asp Tyr Thr Lys Ala Met
435 440 445

Asp Val Tyr Gln Lys Ala Leu Asp Leu Asp Ser Ser Cys Lys Glu Ala
450 455 460

Ala Asp Gly Tyr Gln Arg Cys Met Met Ala Gln Tyr Asn Arg His Asp
465 470 475 480

Ser Pro Glu Asp Val Lys Arg Arg Ala Met Ala Asp Pro Glu Val Gln
485 490 495

Gln Ile Met Ser Asp Pro Ala Met Arg Leu Ile Leu Glu Gln Met Gln
500 505 510

Lys Asp Pro Gln Ala Leu Ser Glu His Leu Lys Asn Pro Val Ile Ala
515 520 525

Gln Lys Ile Gln Lys Leu Met Asp Val Gly Leu Ile Ala Ile Arg
530 535 540

<210> 17
<211> 2033
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (29)..(1705)
<223>

<400> 17
ggacgagcag cggaggcgggt cgggagcgc atg gtg aag atg gcc gcc gcc gcc 52
Met Val Lys Met Ala Ala Ala Gly
1 5

ggc gga gcc gcc ggt gcc cgc tac tac gcc gcc gcc agt gag gcc gcc 100
Gly Gly Gly Gly Gly Gly Arg Tyr Tyr Gly Gly Gly Ser Glu Gly Gly
10 15 20

cgg gcc cct aag cgg ctc aag act gac aac gcc gcc gcc gac cag cac gga 148
Arg Ala Pro Lys Arg Leu Lys Thr Asp Asn Ala Gly Asp Gln His Gly
25 30 35 40

ggc gcc gcc ggt gcc ggt gga gga gcc ggg gcc gcc gcc gcc gcc gcc 196
Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Gly
45 50 55

ggt ggg gag aac tac gat gac ccg cac aaa acc cct gcc tcc cca gtt 244
Gly Gly Glu Asn Tyr Asp Asp Pro His Lys Thr Pro Ala Ser Pro Val
60 65 70

gtc cac atc agg gcc ctg att gac ggt gtg gtg gaa gca gac ctt gtg 292
Val His Ile Arg Gly Leu Ile Asp Gly Val Val Glu Ala Asp Leu Val
75 80 85

gag gcc ttg cag gag ttt gga ccc atc agc tat gtg gtg gta atg cct 340
Glu Ala Leu Gln Glu Phe Gly Pro Ile Ser Tyr Val Val Val Met Pro
90 95 100

aaa aag aga caa gca ctg gtg gag ttt gaa gat gtg ttg ggg gct tgc 388
Lys Lys Arg Gln Ala Leu Val Glu Phe Glu Asp Val Leu Gly Ala Cys

105		110		115		120	
aac gca gtg aac tac gca gcc gac aac caa ata tac att gct ggt cac							436
Asn Ala Val Asn Tyr Ala Ala Asp Asn Gln Ile Tyr Ile Ala Gly His							
		125		130		135	
cca gct ttt gtc aac tac tct acc agc cag aag atc tcc cgc cct ggg							484
Pro Ala Phe Val Asn Tyr Ser Thr Ser Gln Lys Ile Ser Arg Pro Gly							
		140		145		150	
gac tcg gat gac tcc cgg agc gtg aac agt gtg ctt ctc ttt acc atc							532
Asp Ser Asp Asp Ser Arg Ser Val Asn Ser Val Leu Leu Phe Thr Ile							
		155		160		165	
ctg aac ccc att tat tcg atc acc acg gat gtt ctt tac act atc tgt							580
Leu Asn Pro Ile Tyr Ser Ile Thr Thr Asp Val Leu Tyr Thr Ile Cys							
		170		175		180	
aat cct tgt ggc cct gtc cag aga att gtc att ttc agg aag aat gga							628
Asn Pro Cys Gly Pro Val Gln Arg Ile Val Ile Phe Arg Lys Asn Gly							
185		190		195		200	
gtt cag gcg atg gtg gaa ttt gac tca gtt caa agt gcc cag cgg gcc							676
Val Gln Ala Met Val Glu Phe Asp Ser Val Gln Ser Ala Gln Arg Ala							
		205		210		215	
aag gcc tct ctc aat ggg gct gat atc tat tct ggc tgt tgc act ctg							724
Lys Ala Ser Leu Asn Gly Ala Asp Ile Tyr Ser Gly Cys Cys Thr Leu							
		220		225		230	
aag atc gaa tac gca aag cct aca cgc ttg aat gtg ttc aag aat gat							772
Lys Ile Glu Tyr Ala Lys Pro Thr Arg Leu Asn Val Phe Lys Asn Asp							
		235		240		245	
cag gat act tgg gac tac aca aac ccc aat ctc agt gga caa ggt gac							820
Gln Asp Thr Trp Asp Tyr Thr Asn Pro Asn Leu Ser Gly Gln Gly Asp							
		250		255		260	
cct ggc agc aac ccc aac aaa cgc cag agg cag ccc cct ctc ctg gga							868
Pro Gly Ser Asn Pro Asn Lys Arg Gln Arg Gln Pro Pro Leu Leu Gly							
265		270		275		280	
gat cac ccc gca gaa tat gga ggg ccc cac ggt ggg tac cac agc cat							916
Asp His Pro Ala Glu Tyr Gly Gly Pro His Gly Gly Tyr His Ser His							
		285		290		295	
tac cat gat gag ggc tac ggg ccc ccc cca cct cac tac gaa ggg aga							964
Tyr His Asp Glu Gly Tyr Gly Pro Pro Pro Pro His Tyr Glu Gly Arg							
		300		305		310	

agg atg ggt cca cca gtg ggg ggt cac cgt cgg ggc cca agt cgc tac	1012
Arg Met Gly Pro Pro Val Gly Gly His Arg Arg Gly Pro Ser Arg Tyr	
315 320 325	
ggc ccc cag tat ggg cac ccc cca ccc cct ccc cca cca ccc gag tat	1060
Gly Pro Gln Tyr Gly His Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Glu Tyr	
330 335 340	
ggc cct cac gcc gac agc cct gtg ctc atg gtc tat ggc ttg gat caa	1108
Gly Pro His Ala Asp Ser Pro Val Leu Met Val Tyr Gly Leu Asp Gln	
345 350 355 360	
tct aag atg aac ggt gac cga gtc ttc aat gtc ttc tgc tta tat ggc	1156
Ser Lys Met Asn Gly Asp Arg Val Phe Asn Val Phe Cys Leu Tyr Gly	
365 370 375	
aat gtg gag aag gtg aaa ttc atg aaa agc aag ccg ggg gcc gcc atg	1204
Asn Val Glu Lys Val Lys Phe Met Lys Ser Lys Pro Gly Ala Ala Met	
380 385 390	
gtg gag atg gct gat ggc tac gct gta gac cgg gcc att acc cac ctc	1252
Val Glu Met Ala Asp Gly Tyr Ala Val Asp Arg Ala Ile Thr His Leu	
395 400 405	
aac aac aac ttc atg ttt ggg cag aag ctg aat gtc tgt gtc tcc aag	1300
Asn Asn Asn Phe Met Phe Gly Gln Lys Leu Asn Val Cys Val Ser Lys	
410 415 420	
cag cca gcc atc atg cct ggt cag tca tac ggg ttg gaa gac ggg tct	1348
Gln Pro Ala Ile Met Pro Gly Gln Ser Tyr Gly Leu Glu Asp Gly Ser	
425 430 435 440	
tgc agt tac aaa gac ttc agt gaa tcc cgg aac aat cgg ttc tcc acc	1396
Cys Ser Tyr Lys Asp Phe Ser Glu Ser Arg Asn Asn Arg Phe Ser Thr	
445 450 455	
cca gag cag gca gcc aag aac cgc atc cag cac ccc agc aac gtg ctg	1444
Pro Glu Gln Ala Ala Lys Asn Arg Ile Gln His Pro Ser Asn Val Leu	
460 465 470	
cac ttc ttc aac gcc ccg ctg gag gtg acc gag gag aac ttc ttt gag	1492
His Phe Phe Asn Ala Pro Leu Glu Val Thr Glu Glu Asn Phe Phe Glu	
475 480 485	
atc tgc gat gag ctg gga gtg aag cgg cca tct tct gtg aaa gta ttc	1540
Ile Cys Asp Glu Leu Gly Val Lys Arg Pro Ser Ser Val Lys Val Phe	
490 495 500	
tca ggc aaa agt gag cgc agc tcc tct gga ctg ctg gag tgg gaa tcc	1588
Ser Gly Lys Ser Glu Arg Ser Ser Ser Gly Leu Leu Glu Trp Glu Ser	

505		510		515		520	
aag agc gat gcc ctg gag act ctg ggc ttc ctg aac cat tac cag atg							1636
Lys Ser Asp Ala Leu Glu Thr Leu Gly Phe Leu Asn His Tyr Gln Met							
	525			530		535	

aaa aac cca aat ggt cca tac cct tac act ctg aag ttg tgt ttc tcc							1684
Lys Asn Pro Asn Gly Pro Tyr Pro Tyr Thr Leu Lys Leu Cys Phe Ser							
	540			545		550	

act gct cag cac gcc tcc taa ttaggtgcct aggaagagtc ccattctgagc							1735
Thr Ala Gln His Ala Ser							
	555						

aggaagacat ttctctttcc tttatgccat tttttgtttt tgttatttgc aaaagatcct							1795
gtatttccttt tttttttttt ttttttttaa atgctagggt tgtagaggct tacttaacct							1855
taatggaaac gctggaaatc tgcaggggga gggagagggg aactgttata tcccaagatt							1915
aaecttcaact tttaaaaaat tattgtacat gtgatttttt tttttcctgt tcatacattt							1975
gtgctgcccc tgtactcttg gcacatttca ataaaaattgt ttggaaaata aacacagc							2033

<210> 18
 <211> 558
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 18

Met Val Lys Met Ala Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Arg Tyr																
1			5					10					15			

Tyr Gly Gly Gly Ser Glu Gly Gly Arg Ala Pro Lys Arg Leu Lys Thr															
	20						25						30		

Asp Asn Ala Gly Asp Gln His Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly															
	35					40						45			

Ala Gly Ala Ala Gly Gly Gly Gly Gly Gly Glu Asn Tyr Asp Asp Pro															
	50					55					60				

His Lys Thr Pro Ala Ser Pro Val Val His Ile Arg Gly Leu Ile Asp															
65				70					75					80	

Gly	Val	Val	Glu	Ala	Asp	Leu	Val	Glu	Ala	Leu	Gln	Glu	Phe	Gly	Pro		
				85					90					95			
Ile	Ser	Tyr	Val	Val	Val	Met	Pro	Lys	Lys	Arg	Gln	Ala	Leu	Val	Glu		
			100					105					110				
Phe	Glu	Asp	Val	Leu	Gly	Ala	Cys	Asn	Ala	Val	Asn	Tyr	Ala	Ala	Asp		
		115					120					125					
Asn	Gln	Ile	Tyr	Ile	Ala	Gly	His	Pro	Ala	Phe	Val	Asn	Tyr	Ser	Thr		
	130					135					140						
Ser	Gln	Lys	Ile	Ser	Arg	Pro	Gly	Asp	Ser	Asp	Asp	Ser	Arg	Ser	Val		
145					150					155					160		
Asn	Ser	Val	Leu	Leu	Phe	Thr	Ile	Leu	Asn	Pro	Ile	Tyr	Ser	Ile	Thr		
			165						170					175			
Thr	Asp	Val	Leu	Tyr	Thr	Ile	Cys	Asn	Pro	Cys	Gly	Pro	Val	Gln	Arg		
		180						185					190				
Ile	Val	Ile	Phe	Arg	Lys	Asn	Gly	Val	Gln	Ala	Met	Val	Glu	Phe	Asp		
	195						200					205					
Ser	Val	Gln	Ser	Ala	Gln	Arg	Ala	Lys	Ala	Ser	Leu	Asn	Gly	Ala	Asp		
	210					215					220						
Ile	Tyr	Ser	Gly	Cys	Cys	Thr	Leu	Lys	Ile	Glu	Tyr	Ala	Lys	Pro	Thr		
225				230						235				240			
Arg	Leu	Asn	Val	Phe	Lys	Asn	Asp	Gln	Asp	Thr	Trp	Asp	Tyr	Thr	Asn		
			245					250						255			
Pro	Asn	Leu	Ser	Gly	Gln	Gly	Asp	Pro	Gly	Ser	Asn	Pro	Asn	Lys	Arg		
		260					265						270				

Gln Arg Gln Pro Pro Leu Leu Gly Asp His Pro Ala Glu Tyr Gly Gly
275 280 285

Pro His Gly Gly Tyr His Ser His Tyr His Asp Glu Gly Tyr Gly Pro
290 295 300

Pro Pro Pro His Tyr Glu Gly Arg Arg Met Gly Pro Pro Val Gly Gly
305 310 315 320

His Arg Arg Gly Pro Ser Arg Tyr Gly Pro Gln Tyr Gly His Pro Pro
325 330 335

Pro Pro Pro Pro Pro Pro Glu Tyr Gly Pro His Ala Asp Ser Pro Val
340 345 350

Leu Met Val Tyr Gly Leu Asp Gln Ser Lys Met Asn Gly Asp Arg Val
355 360 365

Phe Asn Val Phe Cys Leu Tyr Gly Asn Val Glu Lys Val Lys Phe Met
370 375 380

Lys Ser Lys Pro Gly Ala Ala Met Val Glu Met Ala Asp Gly Tyr Ala
385 390 395 400

Val Asp Arg Ala Ile Thr His Leu Asn Asn Asn Phe Met Phe Gly Gln
405 410 415

Lys Leu Asn Val Cys Val Ser Lys Gln Pro Ala Ile Met Pro Gly Gln
420 425 430

Ser Tyr Gly Leu Glu Asp Gly Ser Cys Ser Tyr Lys Asp Phe Ser Glu
435 440 445

Ser Arg Asn Asn Arg Phe Ser Thr Pro Glu Gln Ala Ala Lys Asn Arg
450 455 460

Ile Gln His Pro Ser Asn Val Leu His Phe Phe Asn Ala Pro Leu Glu
465 470 475 480

Val Thr Glu Glu Asn Phe Phe Glu Ile Cys Asp Glu Leu Gly Val Lys
485 490 495

Arg Pro Ser Ser Val Lys Val Phe Ser Gly Lys Ser Glu Arg Ser Ser
500 505 510

Ser Gly Leu Leu Glu Trp Glu Ser Lys Ser Asp Ala Leu Glu Thr Leu
515 520 525

Gly Phe Leu Asn His Tyr Gln Met Lys Asn Pro Asn Gly Pro Tyr Pro
530 535 540

Tyr Thr Leu Lys Leu Cys Phe Ser Thr Ala Gln His Ala Ser
545 550 555

<210> 19
<211> 3465
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (219)..(2639)
<223>

<400> 19
ctcgcgccag gcgagtctcc gcgtctccct cgcgaactcg gtgaaaggaa ttggcgccgt 60
tcgacaccag gcggatccgc tctgcagcac gaaccatct ccagccgcag ccgcagccgc 120
cgcccggggcc gaggagcagc cgcagcagcc gccaccagtg gccgagtgag cggagccgag 180
tttgaggcag cgcctagcgg tgaatcgggg ccctcacc atg agt tcc tcg cct gtt 236
Met Ser Ser Ser Pro Val
1 5

aat gta aaa aag ctg aag gtg tcg gag ctg aaa gag gag ctc aag aag 284
Asn Val Lys Lys Leu Lys Val Ser Glu Leu Lys Glu Glu Leu Lys Lys
10 15 20

cga cgc ctt tct gac aag ggt ctc aag gcc gag ctc atg gag cga ctc 332
Arg Arg Leu Ser Asp Lys Gly Leu Lys Ala Glu Leu Met Glu Arg Leu
25 30 35

cag gct gcg ctg gac gac gag gag gcc ggg ggc cgc ccc gcc atg gag	380
Gln Ala Ala Leu Asp Asp Glu Glu Ala Gly Gly Arg Pro Ala Met Glu	
40 45 50	
ccc ggg aac ggc agc cta gac ctg ggc ggg gat tcc gct ggg cgc tcg	428
Pro Gly Asn Gly Ser Leu Asp Leu Gly Gly Asp Ser Ala Gly Arg Ser	
55 60 65 70	
gga gca ggc ctc gag cag gag gcc gcg gcc ggc ggc gat gaa gag gag	476
Gly Ala Gly Leu Glu Gln Glu Ala Ala Ala Gly Gly Asp Glu Glu Glu	
75 80 85	
gag gaa gag gaa gag gag gag gaa gga atc tcc gct ctg gac ggc gac	524
Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Gly Ile Ser Ala Leu Asp Gly Asp	
90 95 100	
cag atg gag cta gga gag gag aac ggg gcc gcg ggg gcg gcc gac tcg	572
Gln Met Glu Leu Gly Glu Glu Asn Gly Ala Ala Gly Ala Ala Asp Ser	
105 110 115	
ggc ccg atg gag gag gag gag gcc gcc tcg gaa gac gag aac ggc gac	620
Gly Pro Met Glu Glu Glu Glu Ala Ala Ser Glu Asp Glu Asn Gly Asp	
120 125 130	
gat cag ggt ttc cag gaa ggg gaa gat gag ctc ggg gac gaa gag gaa	668
Asp Gln Gly Phe Gln Glu Gly Glu Asp Glu Leu Gly Asp Glu Glu Glu	
135 140 145 150	
ggc gcg ggc gac gag aac ggg cac ggg gag cag cag cct caa ccg ccg	716
Gly Ala Gly Asp Glu Asn Gly His Gly Glu Gln Gln Pro Gln Pro Pro	
155 160 165	
gcg acg cag cag caa cag ccc caa cag cag gcg ggg gcc gcc aag gag	764
Ala Thr Gln Gln Gln Gln Pro Gln Gln Gln Arg Gly Ala Ala Lys Glu	
170 175 180	
gcc gcg ggg aag agc agc ggc ccc acc tcg ctg ttc gcg gtg acg gtg	812
Ala Ala Gly Lys Ser Ser Gly Pro Thr Ser Leu Phe Ala Val Thr Val	
185 190 195	
gcg ccg ccc ggg gcg agg cag ggc cag cag cag gcg gga ggg gac ggc	860
Ala Pro Pro Gly Ala Arg Gln Gly Gln Gln Gln Ala Gly Gly Asp Gly	
200 205 210	
aaa aca gaa cag aaa ggc gga gat aaa aag agg ggt gtt aaa aga cca	908
Lys Thr Glu Gln Lys Gly Gly Asp Lys Lys Arg Gly Val Lys Arg Pro	
215 220 225 230	
cga gaa gat cat ggc cgt gga tat ttt gag tac att gaa gag aac aag	956

Arg	Glu	Asp	His	Gly	Arg	Gly	Tyr	Phe	Glu	Tyr	Ile	Glu	Glu	Asn	Lys	
				235					240					245		
tat	agc	aga	gcc	aaa	tct	cct	cag	cca	cct	gtt	gaa	gaa	gaa	gat	gaa	1004
Tyr	Ser	Arg	Ala	Lys	Ser	Pro	Gln	Pro	Pro	Val	Glu	Glu	Glu	Asp	Glu	
			250					255					260			
cac	ttc	gat	gac	aca	gtg	gtt	tgt	ctt	gat	act	tat	aat	tgt	gat	cta	1052
His	Phe	Asp	Asp	Thr	Val	Val	Cys	Leu	Asp	Thr	Tyr	Asn	Cys	Asp	Leu	
		265					270					275				
cat	ttt	aaa	ata	tca	aga	gat	cgt	ctc	agt	gct	tct	tcc	ctt	aca	atg	1100
His	Phe	Lys	Ile	Ser	Arg	Asp	Arg	Leu	Ser	Ala	Ser	Ser	Leu	Thr	Met	
	280					285					290					
gag	agt	ttt	gct	ttt	ctt	tgg	gct	gga	gga	aga	gca	tcc	tat	ggg	gtg	1148
Glu	Ser	Phe	Ala	Phe	Leu	Trp	Ala	Gly	Gly	Arg	Ala	Ser	Tyr	Gly	Val	
295					300					305					310	
tca	aaa	ggc	aaa	gtg	tgt	ttt	gag	atg	aag	gtt	aca	gag	aag	atc	cca	1196
Ser	Lys	Gly	Lys	Val	Cys	Phe	Glu	Met	Lys	Val	Thr	Glu	Lys	Ile	Pro	
			315						320					325		
gta	agg	cat	tta	tat	aca	aaa	gat	att	gac	ata	cat	gaa	gtt	cgt	att	1244
Val	Arg	His	Leu	Tyr	Thr	Lys	Asp	Ile	Asp	Ile	His	Glu	Val	Arg	Ile	
			330					335					340			
ggc	tgg	tca	cta	act	aca	agt	gga	atg	tta	ctt	ggg	gaa	gaa	gaa	ttt	1292
Gly	Trp	Ser	Leu	Thr	Thr	Ser	Gly	Met	Leu	Leu	Gly	Glu	Glu	Glu	Phe	
		345					350					355				
tct	tat	ggg	tat	tct	cta	aaa	gga	ata	aaa	aca	tgc	aac	tgt	gag	act	1340
Ser	Tyr	Gly	Tyr	Ser	Leu	Lys	Gly	Ile	Lys	Thr	Cys	Asn	Cys	Glu	Thr	
	360					365					370					
gaa	gat	tat	gga	gaa	aag	ttt	gat	gaa	aat	gat	gtg	att	aca	tgt	ttt	1388
Glu	Asp	Tyr	Gly	Glu	Lys	Phe	Asp	Glu	Asn	Asp	Val	Ile	Thr	Cys	Phe	
375					380					385					390	
gct	aac	ttt	gaa	agt	gat	gaa	gta	gaa	ctc	tcg	tat	gct	aag	aat	gga	1436
Ala	Asn	Phe	Glu	Ser	Asp	Glu	Val	Glu	Leu	Ser	Tyr	Ala	Lys	Asn	Gly	
			395					400						405		
caa	gat	ctt	ggc	gtt	gcc	ttc	aaa	atc	agt	aag	gaa	gtt	ctt	gct	gga	1484
Gln	Asp	Leu	Gly	Val	Ala	Phe	Lys	Ile	Ser	Lys	Glu	Val	Leu	Ala	Gly	
			410					415					420			
cgg	cca	ctg	ttc	ccg	cat	gtt	ctc	tgc	cac	aac	tgt	gca	gtt	gaa	ttt	1532
Arg	Pro	Leu	Phe	Pro	His	Val	Leu	Cys	His	Asn	Cys	Ala	Val	Glu	Phe	
		425					430					435				

aat ttt ggt cag aag gaa aag cca tat ttt cca ata cct gaa gag tat	1580
Asn Phe Gly Gln Lys Glu Lys Pro Tyr Phe Pro Ile Pro Glu Glu Tyr	
440 445 450	
act ttc atc cag aac gtc ccc tta gag gat cga gtt aga gga cca aag	1628
Thr Phe Ile Gln Asn Val Pro Leu Glu Asp Arg Val Arg Gly Pro Lys	
455 460 465 470	
ggg cct gaa gag aag aaa gat tgt gaa gtt gtg atg atg att ggc ttg	1676
Gly Pro Glu Glu Lys Lys Asp Cys Glu Val Val Met Met Ile Gly Leu	
475 480 485	
cca gga gct gga aaa act acc tgg gtt act aaa cat gca gca gaa aat	1724
Pro Gly Ala Gly Lys Thr Thr Trp Val Thr Lys His Ala Ala Glu Asn	
490 495 500	
cca ggg aaa tat aac att ctt ggc aca aat act att atg gat aag atg	1772
Pro Gly Lys Tyr Asn Ile Leu Gly Thr Asn Thr Ile Met Asp Lys Met	
505 510 515	
atg gtg gca ggt ttt aag aag caa atg gca gat act gga aaa ctg aac	1820
Met Val Ala Gly Phe Lys Lys Gln Met Ala Asp Thr Gly Lys Leu Asn	
520 525 530	
aca ctg ttg cag aga gcc ccc cag tgt ctt ggg aaa ttt att gag att	1868
Thr Leu Leu Gln Arg Ala Pro Gln Cys Leu Gly Lys Phe Ile Glu Ile	
535 540 545 550	
gct gcc cga aag aag cga aat ttt att ctg gat cag aca aat gtg tct	1916
Ala Ala Arg Lys Lys Arg Asn Phe Ile Leu Asp Gln Thr Asn Val Ser	
555 560 565	
gct gct gcc cag agg aga aaa atg tgc ctg ttt gca ggc ttc cag cga	1964
Ala Ala Ala Gln Arg Arg Lys Met Cys Leu Phe Ala Gly Phe Gln Arg	
570 575 580	
aaa gct gtt gta gtt tgc cca aaa gat gaa gac tat aag caa aga aca	2012
Lys Ala Val Val Val Cys Pro Lys Asp Glu Asp Tyr Lys Gln Arg Thr	
585 590 595	
cag aag aaa gca gaa gta gag ggg aaa gac cta cca gaa cat gcg gtc	2060
Gln Lys Lys Ala Glu Val Glu Gly Lys Asp Leu Pro Glu His Ala Val	
600 605 610	
ctc aaa atg aaa gga aac ttt acc ctc cca gag gta gct gag tgc ttt	2108
Leu Lys Met Lys Gly Asn Phe Thr Leu Pro Glu Val Ala Glu Cys Phe	
615 620 625 630	
gat gaa ata acc tat gtt gaa ctt cag aag gaa gaa gcc caa aaa ctc	2156

Asp	Glu	Ile	Thr	Tyr	Val	Glu	Leu	Gln	Lys	Glu	Glu	Ala	Gln	Lys	Leu		
				635					640					645			
ttg	gag	caa	tat	aag	gaa	gaa	agc	aaa	aag	gct	ctt	cca	cca	gaa	aag	2204	
Leu	Glu	Gln	Tyr	Lys	Glu	Glu	Ser	Lys	Lys	Ala	Leu	Pro	Pro	Glu	Lys		
			650					655					660				
aaa	cag	aac	act	ggc	tca	aag	aaa	agc	aat	aaa	aat	aag	agt	ggc	aag	2252	
Lys	Gln	Asn	Thr	Gly	Ser	Lys	Lys	Ser	Asn	Lys	Asn	Lys	Ser	Gly	Lys		
		665					670					675					
aac	cag	ttt	aac	aga	ggc	ggc	ggc	cat	aga	gga	cgt	gga	gga	ttc	aat	2300	
Asn	Gln	Phe	Asn	Arg	Gly	Gly	Gly	His	Arg	Gly	Arg	Gly	Gly	Phe	Asn		
	680					685					690						
atg	cgt	ggc	gga	aat	ttc	aga	gga	gga	gcc	cct	ggg	aat	cgt	ggc	gga	2348	
Met	Arg	Gly	Gly	Asn	Phe	Arg	Gly	Gly	Ala	Pro	Gly	Asn	Arg	Gly	Gly		
695				700					705						710		
tat	aat	agg	agg	ggc	aac	atg	cca	cag	aga	ggc	ggc	ggc	ggc	gga	gga	2396	
Tyr	Asn	Arg	Arg	Gly	Asn	Met	Pro	Gln	Arg	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly		
				715				720						725			
agt	ggc	gga	atc	ggc	tat	cca	tac	cct	cgt	gcc	cct	gtt	ttt	cct	ggc	2444	
Ser	Gly	Gly	Ile	Gly	Tyr	Pro	Tyr	Pro	Arg	Ala	Pro	Val	Phe	Pro	Gly		
			730					735					740				
cgt	ggc	agt	tac	tca	aac	aga	ggc	aac	tac	aac	aga	ggc	gga	atg	ccc	2492	
Arg	Gly	Ser	Tyr	Ser	Asn	Arg	Gly	Asn	Tyr	Asn	Arg	Gly	Gly	Met	Pro		
		745					750					755					
aac	aga	ggc	aac	tac	aac	cag	aac	ttc	aga	gga	cga	gga	aac	aat	cgt	2540	
Asn	Arg	Gly	Asn	Tyr	Asn	Gln	Asn	Phe	Arg	Gly	Arg	Gly	Asn	Asn	Arg		
	760					765				770							
ggc	tac	aaa	aat	caa	tct	cag	ggc	tac	aac	cag	tgg	cag	cag	ggc	caa	2588	
Gly	Tyr	Lys	Asn	Gln	Ser	Gln	Gly	Tyr	Asn	Gln	Trp	Gln	Gln	Gly	Gln		
775				780					785						790		
ttc	tgg	ggc	cag	aag	cca	tgg	agt	cag	cat	tat	cac	caa	gga	tat	tat	2636	
Phe	Trp	Gly	Gln	Lys	Pro	Trp	Ser	Gln	His	Tyr	His	Gln	Gly	Tyr	Tyr		
			795					800					805				
tga	ata	ccca	aat	aaa	acga	act	gata	cat	att	tct	ccaaa	aac	cttc	aca	aga	2689	
agtc	gact	gtt	ttt	cttt	agc	agg	cta	act	ttt	aaac	att	ccaca	agagg	aagt	gcct	gc	2749
gggt	tcct	ttt	ttaga	aagc	ttgt	gggt	ttg	at	tttt	tttt	tttt	tttt	tttt	tttt	tttt	tttt	2809
taatt	gcagt	ttaaa	agtg	atcg	taag	ag	aacct	cag	ca	ttgt	gcac	ga	taag	aga	aatg		2869

```

tgtcagtatt tcaggggttct acatttttatc tgtaaaatgt gactttttttt tttttttatc 2929
acaacagaag taaaatgttg ctttgtacct ggtgtctttt attaagaatt tactcccccc 2989
atttctcaca gagaataaca gtcggggagtc attgtcacaa tataatagaa atgttagcaa 3049
ccagattcat gtaaggacta agtgggtcctc atgaattgca ttaagactct gtactgctca 3109
tattacactc catcctctct gtagtttgct gggtagtgga gggggtaagc taaatcatag 3169
tttctgacaa taactgggaa ggtttttttct taaaataaca atggaattgg tataattggg 3229
attgaaaact aaaacttgga actaagatag agaagatgga gtgtatgtag aagggctgtt 3289
aaaaatgtaa aacttggttg cattatttgt ggaggctcaa acttgtgaag gttaatacca 3349
taatttttcc atttgttctg cattttgatt ctgaaaagaa agctggcttt gcccatttct 3409
tattaaaaaa acttgttgta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3465

```

```

<210> 20
<211> 806
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 20

```

```

Met Ser Ser Ser Pro Val Asn Val Lys Lys Leu Lys Val Ser Glu Leu
1          5          10          15

```

```

Lys Glu Glu Leu Lys Lys Arg Arg Leu Ser Asp Lys Gly Leu Lys Ala
20          25          30

```

```

Glu Leu Met Glu Arg Leu Gln Ala Ala Leu Asp Asp Glu Glu Ala Gly
35          40          45

```

```

Gly Arg Pro Ala Met Glu Pro Gly Asn Gly Ser Leu Asp Leu Gly Gly
50          55          60

```

```

Asp Ser Ala Gly Arg Ser Gly Ala Gly Leu Glu Gln Glu Ala Ala Ala
65          70          75          80

```

```

Gly Gly Asp Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Gly Ile

```

Ser Ala Leu Asp Gly Asp Gln Met Glu Leu Gly Glu Glu Asn Gly Ala
 100 105 110

Ala Gly Ala Ala Asp Ser Gly Pro Met Glu Glu Glu Glu Ala Ala Ser
 115 120 125

Glu Asp Glu Asn Gly Asp Asp Gln Gly Phe Gln Glu Gly Glu Asp Glu
 130 135 140

Leu Gly Asp Glu Glu Glu Gly Ala Gly Asp Glu Asn Gly His Gly Glu
 145 150 155 160

Gln Gln Pro Gln Pro Pro Ala Thr Gln Gln Gln Gln Pro Gln Gln Gln
 165 170 175

Arg Gly Ala Ala Lys Glu Ala Ala Gly Lys Ser Ser Gly Pro Thr Ser
 180 185 190

Leu Phe Ala Val Thr Val Ala Pro Pro Gly Ala Arg Gln Gly Gln Gln
 195 200 205

Gln Ala Gly Gly Asp Gly Lys Thr Glu Gln Lys Gly Gly Asp Lys Lys
 210 215 220

Arg Gly Val Lys Arg Pro Arg Glu Asp His Gly Arg Gly Tyr Phe Glu
 225 230 235 240

Tyr Ile Glu Glu Asn Lys Tyr Ser Arg Ala Lys Ser Pro Gln Pro Pro
 245 250 255

Val Glu Glu Glu Asp Glu His Phe Asp Asp Thr Val Val Cys Leu Asp
 260 265 270

Thr Tyr Asn Cys Asp Leu His Phe Lys Ile Ser Arg Asp Arg Leu Ser
 275 280 285

Ala Ser Ser Leu Thr Met Glu Ser Phe Ala Phe Leu Trp Ala Gly Gly
290 295 300

Arg Ala Ser Tyr Gly Val Ser Lys Gly Lys Val Cys Phe Glu Met Lys
305 310 315 320

Val Thr Glu Lys Ile Pro Val Arg His Leu Tyr Thr Lys Asp Ile Asp
325 330 335

Ile His Glu Val Arg Ile Gly Trp Ser Leu Thr Thr Ser Gly Met Leu
340 345 350

Leu Gly Glu Glu Glu Phe Ser Tyr Gly Tyr Ser Leu Lys Gly Ile Lys
355 360 365

Thr Cys Asn Cys Glu Thr Glu Asp Tyr Gly Glu Lys Phe Asp Glu Asn
370 375 380

Asp Val Ile Thr Cys Phe Ala Asn Phe Glu Ser Asp Glu Val Glu Leu
385 390 395 400

Ser Tyr Ala Lys Asn Gly Gln Asp Leu Gly Val Ala Phe Lys Ile Ser
405 410 415

Lys Glu Val Leu Ala Gly Arg Pro Leu Phe Pro His Val Leu Cys His
420 425 430

Asn Cys Ala Val Glu Phe Asn Phe Gly Gln Lys Glu Lys Pro Tyr Phe
435 440 445

Pro Ile Pro Glu Glu Tyr Thr Phe Ile Gln Asn Val Pro Leu Glu Asp
450 455 460

Arg Val Arg Gly Pro Lys Gly Pro Glu Glu Lys Lys Asp Cys Glu Val
465 470 475 480

Val Met Met Ile Gly Leu Pro Gly Ala Gly Lys Thr Thr Trp Val Thr

485

490

495

Lys His Ala Ala Glu Asn Pro Gly Lys Tyr Asn Ile Leu Gly Thr Asn
 500 505 510

Thr Ile Met Asp Lys Met Met Val Ala Gly Phe Lys Lys Gln Met Ala
 515 520 525

Asp Thr Gly Lys Leu Asn Thr Leu Leu Gln Arg Ala Pro Gln Cys Leu
 530 535 540

Gly Lys Phe Ile Glu Ile Ala Ala Arg Lys Lys Arg Asn Phe Ile Leu
 545 550 555 560

Asp Gln Thr Asn Val Ser Ala Ala Ala Gln Arg Arg Lys Met Cys Leu
 565 570 575

Phe Ala Gly Phe Gln Arg Lys Ala Val Val Val Cys Pro Lys Asp Glu
 580 585 590

Asp Tyr Lys Gln Arg Thr Gln Lys Lys Ala Glu Val Glu Gly Lys Asp
 595 600 605

Leu Pro Glu His Ala Val Leu Lys Met Lys Gly Asn Phe Thr Leu Pro
 610 615 620

Glu Val Ala Glu Cys Phe Asp Glu Ile Thr Tyr Val Glu Leu Gln Lys
 625 630 635 640

Glu Glu Ala Gln Lys Leu Leu Glu Gln Tyr Lys Glu Glu Ser Lys Lys
 645 650 655

Ala Leu Pro Pro Glu Lys Lys Gln Asn Thr Gly Ser Lys Lys Ser Asn
 660 665 670

Lys Asn Lys Ser Gly Lys Asn Gln Phe Asn Arg Gly Gly Gly His Arg
 675 680 685

Gly Arg Gly Gly Phe Asn Met Arg Gly Gly Asn Phe Arg Gly Gly Ala
690 695 700

Pro Gly Asn Arg Gly Gly Tyr Asn Arg Arg Gly Asn Met Pro Gln Arg
705 710 715 720

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Gly Ile Gly Tyr Pro Tyr Pro Arg
725 730 735

Ala Pro Val Phe Pro Gly Arg Gly Ser Tyr Ser Asn Arg Gly Asn Tyr
740 745 750

Asn Arg Gly Gly Met Pro Asn Arg Gly Asn Tyr Asn Gln Asn Phe Arg
755 760 765

Gly Arg Gly Asn Asn Arg Gly Tyr Lys Asn Gln Ser Gln Gly Tyr Asn
770 775 780

Gln Trp Gln Gln Gly Gln Phe Trp Gly Gln Lys Pro Trp Ser Gln His
785 790 795 800

Tyr His Gln Gly Tyr Tyr
805

<210> 21
<211> 3933
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (318)..(2861)
<223>

<400> 21
gcgagagtgg gtttgttctt gggctgcagc cgtctgccgcc gcttctcgcc agcgccgttg 60
ctgcggggga ttgtgggagt ctccgcgtcc cgtctgctgg gagagaggta cctctccttt 120
tccctctccc ttccctaag agttgtctgc tggttctcag cttgaagaag attctgcagt 180

ccttattgat ccttttttctt ggcgttacca tttttgaagc aaagttaacc tagctttcta	240
gtttgagcctt tcttttttggc cgtcttttaaa aaaaaattttt tttttaatct ataaaaataga	300
caagagctag ttctaca atg tcc aag tca ttc cag cag tca tct ctc agt	350
Met Ser Lys Ser Phe Gln Gln Ser Ser Leu Ser	
1 5 10	
agg gac tca cag ggt cat ggg cgt gac ctg tct gcg gca gga ata ggc	398
Arg Asp Ser Gln Gly His Gly Arg Asp Leu Ser Ala Ala Gly Ile Gly	
15 20 25	
ctt ctt gct gct gct acc cag tct tta agt atg cca gca tct ctt gga	446
Leu Leu Ala Ala Ala Thr Gln Ser Leu Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly	
30 35 40	
agg atg aac cag ggt act gca cgc ctt gct agt tta atg aat ctt gga	494
Arg Met Asn Gln Gly Thr Ala Arg Leu Ala Ser Leu Met Asn Leu Gly	
45 50 55	
atg agt tct tca ttg aat caa caa gga gct cat agt gca ctg tct tct	542
Met Ser Ser Ser Leu Asn Gln Gln Gly Ala His Ser Ala Leu Ser Ser	
60 65 70 75	
gct agt act tct tcc cat aat ttg cag tct ata ttt aac att gga agt	590
Ala Ser Thr Ser Ser His Asn Leu Gln Ser Ile Phe Asn Ile Gly Ser	
80 85 90	
aga ggt cca ctc cct tta tct tct caa cac cgt gga gat gca gac cag	638
Arg Gly Pro Leu Pro Leu Ser Ser Gln His Arg Gly Asp Ala Asp Gln	
95 100 105	
gcc agt aac att ttg gcc agc ttt ggt ctg tct gct aga gac tta gat	686
Ala Ser Asn Ile Leu Ala Ser Phe Gly Leu Ser Ala Arg Asp Leu Asp	
110 115 120	
gaa ctg agt cgt tat cca gag gac aag att act cct gag aat ttg ccc	734
Glu Leu Ser Arg Tyr Pro Glu Asp Lys Ile Thr Pro Glu Asn Leu Pro	
125 130 135	
caa atc ctt cta cag ctt aaa agg agg aga act gaa gaa ggc cct acc	782
Gln Ile Leu Leu Gln Leu Lys Arg Arg Arg Thr Glu Glu Gly Pro Thr	
140 145 150 155	
ttg agt tat ggt aga gat ggc aga tct gct aca cgg gag cca cca tac	830
Leu Ser Tyr Gly Arg Asp Gly Arg Ser Ala Thr Arg Glu Pro Pro Tyr	
160 165 170	
aga gta cct agg gat gat tgg gaa gaa aaa agg cac ttt aga aga gat	878
Arg Val Pro Arg Asp Asp Trp Glu Glu Lys Arg His Phe Arg Arg Asp	

175							180							185							
agt	ttt	gat	gat	cgt	ggg	cct	agt	ctc	aac	cca	gtg	ctt	gat	tat	gac	926					
Ser	Phe	Asp	Asp	Arg	Gly	Pro	Ser	Leu	Asn	Pro	Val	Leu	Asp	Tyr	Asp						
190						195						200									
cat	gga	agt	cgt	tct	caa	gaa	tct	ggg	tat	tat	gac	aga	atg	gat	tat	974					
His	Gly	Ser	Arg	Ser	Gln	Glu	Ser	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Arg	Met	Asp	Tyr						
205						210						215									
gaa	gat	gac	aga	tta	aga	gat	gga	gaa	agg	tgt	agg	gat	gat	tct	ttt	1022					
Glu	Asp	Asp	Arg	Leu	Arg	Asp	Gly	Glu	Arg	Cys	Arg	Asp	Asp	Ser	Phe						
220						225				230				235							
ttt	ggg	gag	acc	tcg	cat	aac	tat	cat	aaa	ttt	gac	agt	gag	tat	gag	1070					
Phe	Gly	Glu	Thr	Ser	His	Asn	Tyr	His	Lys	Phe	Asp	Ser	Glu	Tyr	Glu						
				240						245				250							
aga	atg	gga	cgt	ggg	cct	ggc	ccc	tta	caa	gag	aga	tct	ctc	ttt	gag	1118					
Arg	Met	Gly	Arg	Gly	Pro	Gly	Pro	Leu	Gln	Glu	Arg	Ser	Leu	Phe	Glu						
			255				260						265								
aaa	aag	aga	ggc	gct	cct	cca	agt	agc	aat	att	gaa	gac	ttc	cat	gga	1166					
Lys	Lys	Arg	Gly	Ala	Pro	Pro	Ser	Ser	Asn	Ile	Glu	Asp	Phe	His	Gly						
270						275						280									
ctc	tta	ccg	aag	ggg	tat	ccc	cat	ctg	tgc	tct	ata	tgt	gat	ttg	cca	1214					
Leu	Leu	Pro	Lys	Gly	Tyr	Pro	His	Leu	Cys	Ser	Ile	Cys	Asp	Leu	Pro						
285						290						295									
gtt	cat	tct	aat	aag	gag	tgg	agt	caa	cat	atc	aat	gga	gca	agt	cac	1262					
Val	His	Ser	Asn	Lys	Glu	Trp	Ser	Gln	His	Ile	Asn	Gly	Ala	Ser	His						
300				305						310				315							
agt	cgt	cga	tgc	cag	ctt	ctt	ctt	gaa	atc	tac	cca	gaa	tgg	aat	cct	1310					
Ser	Arg	Arg	Cys	Gln	Leu	Leu	Leu	Glu	Ile	Tyr	Pro	Glu	Trp	Asn	Pro						
				320				325						330							
gac	aat	gat	aca	gga	cac	aca	atg	ggg	gat	cca	ttc	atg	ttg	cag	cag	1358					
Asp	Asn	Asp	Thr	Gly	His	Thr	Met	Gly	Asp	Pro	Phe	Met	Leu	Gln	Gln						
			335				340						345								
tct	aca	aat	cca	gca	cca	gga	att	ctg	gga	cct	cca	cct	ccc	tca	ttt	1406					
Ser	Thr	Asn	Pro	Ala	Pro	Gly	Ile	Leu	Gly	Pro	Pro	Pro	Pro	Ser	Phe						
350						355						360									
cat	ctt	ggg	gga	cca	gca	gtt	gga	cca	aga	gga	aat	ctg	ggg	gct	gga	1454					
His	Leu	Gly	Gly	Pro	Ala	Val	Gly	Pro	Arg	Gly	Asn	Leu	Gly	Ala	Gly						
365						370						375									

aat gga aac ctg caa gga cct aga cac atg cag aaa ggc aga gtg gaa	1502
Asn Gly Asn Leu Gln Gly Pro Arg His Met Gln Lys Gly Arg Val Glu	
380 385 390 395	
act agc aga gtt gtt cac atc atg gat ttt caa cga ggg aaa aac ttg	1550
Thr Ser Arg Val Val His Ile Met Asp Phe Gln Arg Gly Lys Asn Leu	
400 405 410	
aga tac cag cta tta cag ctg gta gaa cca ttt gga gtc att tca aat	1598
Arg Tyr Gln Leu Leu Gln Leu Val Glu Pro Phe Gly Val Ile Ser Asn	
415 420 425	
cat ctg att cta aat aaa att aat gag gca ttt att gaa atg gca acc	1646
His Leu Ile Leu Asn Lys Ile Asn Glu Ala Phe Ile Glu Met Ala Thr	
430 435 440	
aca gag gat gct cag gcc gca gtg gat tat tac aca acc aca cca gcg	1694
Thr Glu Asp Ala Gln Ala Ala Val Asp Tyr Tyr Thr Thr Thr Pro Ala	
445 450 455	
tta gta ttt ggc aag cca gtg aga gtt cat tta tcc cag aag tat aaa	1742
Leu Val Phe Gly Lys Pro Val Arg Val His Leu Ser Gln Lys Tyr Lys	
460 465 470 475	
aga ata aag aaa cct gaa gga aag cca gat cag aag ttt gat caa aag	1790
Arg Ile Lys Lys Pro Glu Gly Lys Pro Asp Gln Lys Phe Asp Gln Lys	
480 485 490	
caa gag ctt gga cgt gtg ata cat ctc agc aat ttg ccg cat tct ggc	1838
Gln Glu Leu Gly Arg Val Ile His Leu Ser Asn Leu Pro His Ser Gly	
495 500 505	
tat tct gat agt gct gtt ctc aag ctt gct gag cct tat ggg aaa ata	1886
Tyr Ser Asp Ser Ala Val Leu Lys Leu Ala Glu Pro Tyr Gly Lys Ile	
510 515 520	
aag aat tac ata ttg atg agg atg aaa agt cag gct ttt att gag atg	1934
Lys Asn Tyr Ile Leu Met Arg Met Lys Ser Gln Ala Phe Ile Glu Met	
525 530 535	
gag aca aga gaa gat gca atg gca atg gtt gac cat tgt ttg aaa aaa	1982
Glu Thr Arg Glu Asp Ala Met Ala Met Val Asp His Cys Leu Lys Lys	
540 545 550 555	
gcc ctt tgg ttt cag ggg aga tgt gtg aag gtt gac ctg tct gag aaa	2030
Ala Leu Trp Phe Gln Gly Arg Cys Val Lys Val Asp Leu Ser Glu Lys	
560 565 570	
tat aaa aaa ctg gtt ctg agg att cca aac aga ggc att gat tta ctg	2078
Tyr Lys Lys Leu Val Leu Arg Ile Pro Asn Arg Gly Ile Asp Leu Leu	

			575					580						585				
aaa	aaa	gat	aaa	tcc	cga	aaa	aga	tct	tac	tct	cca	gat	ggc	aaa	gaa			2126
Lys	Lys	Asp	Lys	Ser	Arg	Lys	Arg	Ser	Tyr	Ser	Pro	Asp	Gly	Lys	Glu			
		590					595					600						
tct	cca	agt	gat	aag	aaa	tcc	aaa	act	gat	ggg	tcc	cag	aag	act	gag			2174
Ser	Pro	Ser	Asp	Lys	Lys	Ser	Lys	Thr	Asp	Gly	Ser	Gln	Lys	Thr	Glu			
	605					610					615							
agt	tca	acc	gaa	ggg	aaa	gaa	caa	gaa	gag	aag	tcc	ggg	gaa	gat	ggg			2222
Ser	Ser	Thr	Glu	Gly	Lys	Glu	Gln	Glu	Glu	Lys	Ser	Gly	Glu	Asp	Gly			
620					625					630					635			
gag	aaa	gac	aca	aag	gat	gac	cag	aca	gag	cag	gaa	cct	aat	atg	ctt			2270
Glu	Lys	Asp	Thr	Lys	Asp	Asp	Gln	Thr	Glu	Gln	Glu	Pro	Asn	Met	Leu			
				640					645					650				
ctt	gaa	tct	gaa	gat	gag	cta	ctt	gta	gat	gaa	gaa	gaa	gca	gca	gca			2318
Leu	Glu	Ser	Glu	Asp	Glu	Leu	Leu	Val	Asp	Glu	Glu	Glu	Ala	Ala	Ala			
			655					660					665					
ctg	cta	gaa	agt	ggc	agt	tca	gtg	gga	gac	gag	acc	gat	ctt	gct	aat			2366
Leu	Leu	Glu	Ser	Gly	Ser	Ser	Val	Gly	Asp	Glu	Thr	Asp	Leu	Ala	Asn			
		670					675					680						
tta	ggg	gat	gtg	gct	tct	gat	ggg	aaa	aag	gaa	cca	tca	gat	aaa	gct			2414
Leu	Gly	Asp	Val	Ala	Ser	Asp	Gly	Lys	Lys	Glu	Pro	Ser	Asp	Lys	Ala			
	685					690					695							
gtg	aaa	aaa	gat	gga	agt	gct	tca	gca	gca	gca	aag	aaa	aag	ctt	aaa			2462
Val	Lys	Lys	Asp	Gly	Ser	Ala	Ser	Ala	Ala	Ala	Lys	Lys	Lys	Leu	Lys			
700					705					710					715			
aag	gtg	gac	aag	atc	gag	gaa	ctt	gat	caa	gaa	aac	gaa	gca	gca	ttg			2510
Lys	Val	Asp	Lys	Ile	Glu	Glu	Leu	Asp	Gln	Glu	Asn	Glu	Ala	Ala	Leu			
				720					725					730				
gaa	aat	gga	att	aaa	aat	gag	gaa	aac	aca	gaa	cca	ggg	gct	gaa	tct			2558
Glu	Asn	Gly	Ile	Lys	Asn	Glu	Glu	Asn	Thr	Glu	Pro	Gly	Ala	Glu	Ser			
			735					740					745					
tct	gag	aac	gct	gat	gat	ccc	aac	aaa	gat	aca	agt	gaa	aac	gca	gat			2606
Ser	Glu	Asn	Ala	Asp	Asp	Pro	Asn	Lys	Asp	Thr	Ser	Glu	Asn	Ala	Asp			
		750					755					760						
ggg	caa	agt	gat	gag	aac	aag	gac	gac	tat	aca	atc	cca	gat	gag	tat			2654
Gly	Gln	Ser	Asp	Glu	Asn	Lys	Asp	Asp	Tyr	Thr	Ile	Pro	Asp	Glu	Tyr			
	765					770					775							

aga att gga cca tat cag ccc aat gtt cct gtt ggt ata gac tat gtg	2702
Arg Ile Gly Pro Tyr Gln Pro Asn Val Pro Val Gly Ile Asp Tyr Val	
780 785 790 795	
ata cct aaa aca ggg ttt tac tgt aag ctg tgt tca ctc ttt tat aca	2750
Ile Pro Lys Thr Gly Phe Tyr Cys Lys Leu Cys Ser Leu Phe Tyr Thr	
800 805 810	
aat gaa gaa gtt gca aag aat act cat tgc agc agc ctt cct cat tat	2798
Asn Glu Glu Val Ala Lys Asn Thr His Cys Ser Ser Leu Pro His Tyr	
815 820 825	
cag aaa tta aag aaa ttt ctg aat aaa ttg gca gaa gaa cgc aga cag	2846
Gln Lys Leu Lys Lys Phe Leu Asn Lys Leu Ala Glu Glu Arg Arg Gln	
830 835 840	
aag aag gaa act taa gatgtgcaag gagattttaat gatttcaaag aaaataatgg	2901
Lys Lys Glu Thr	
845	
ttctttgttt ttaatgttaa ccttttttaa atacaatact gatagttaga agaaaaactat	2961
tgtactcttt tgtttttagtg gagaaataat agatgtctgt tcatgtgtta agtgttatag	3021
caaaaaaaaaat acacatatgg ttaagttaat gaatagtttt tgtttttatca gaatggcaac	3081
agacagaagt actttgtaga gattgacttc ctaagctact taagacaact tgcaccacta	3141
agaaaaaaaaat gtagaaccat ttggaaaaaat gaaatttagt agttccaagt ttcaaagaaa	3201
tgtcaacatt ttattccatt caataaagaa caaaaaccaat agtgttttta ttactttcat	3261
ctgaaacatt ccatgtttta atctgagcct tgcagacttt catttggagt ttgaaccctg	3321
tttggttgca tticattttt ggagaactta attaacgtga gattggcaat tgaaatgcag	3381
gtgcagtttt ctgttaatgt catgctgttg tttaggtaat aagaaatatt aagtaattgg	3441
cttttagattt tgtaattttt ttccctgagt tcctgctaga ttctgtattc tagtagtcaa	3501
tgtattttca gtgaaatgca aaaatatcc cgttatcttt gaccagtatt aatttttgag	3561
atcttactgc ttgtcacttg aatcccgtga ttgtcataca tctctgggtat aagcaacatt	3621
tgatttttga agtgtgtaga ccatctcttc atattttcaa gatgtaattt tacatttctg	3681
cattttttaa acagtttgge cataatccta gatgcacgct tctaattcat gtacctgcac	3741
atgtgacctt tgtgaacaga aatttgcatg tataatttgt gtttacttgt aactttctgg	3801

```

ttatatactg cttatatctg tggattcaag ttactgaagt gaataccaat aaaaagaaaa 3861
ccctagggcca tgttaattgg ttatacatgt ttgggaatgtt aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3921
aaaaaaaaaa aa 3933

```

```

<210> 22
<211> 847
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 22

```

```

Met Ser Lys Ser Phe Gln Gln Ser Ser Leu Ser Arg Asp Ser Gln Gly
1          5          10          15

```

```

His Gly Arg Asp Leu Ser Ala Ala Gly Ile Gly Leu Leu Ala Ala Ala
          20          25          30

```

```

Thr Gln Ser Leu Ser Met Pro Ala Ser Leu Gly Arg Met Asn Gln Gly
          35          40          45

```

```

Thr Ala Arg Leu Ala Ser Leu Met Asn Leu Gly Met Ser Ser Ser Leu
50          55          60

```

```

Asn Gln Gln Gly Ala His Ser Ala Leu Ser Ser Ala Ser Thr Ser Ser
65          70          75          80

```

```

His Asn Leu Gln Ser Ile Phe Asn Ile Gly Ser Arg Gly Pro Leu Pro
          85          90          95

```

```

Leu Ser Ser Gln His Arg Gly Asp Ala Asp Gln Ala Ser Asn Ile Leu
100          105          110

```

```

Ala Ser Phe Gly Leu Ser Ala Arg Asp Leu Asp Glu Leu Ser Arg Tyr
115          120          125

```

```

Pro Glu Asp Lys Ile Thr Pro Glu Asn Leu Pro Gln Ile Leu Leu Gln
130          135          140

```

Leu Lys Arg Arg Arg Thr Glu Glu Gly Pro Thr Leu Ser Tyr Gly Arg
145 150 155 160

Asp Gly Arg Ser Ala Thr Arg Glu Pro Pro Tyr Arg Val Pro Arg Asp
165 170 175

Asp Trp Glu Glu Lys Arg His Phe Arg Arg Asp Ser Phe Asp Asp Arg
180 185 190

Gly Pro Ser Leu Asn Pro Val Leu Asp Tyr Asp His Gly Ser Arg Ser
195 200 205

Gln Glu Ser Gly Tyr Tyr Asp Arg Met Asp Tyr Glu Asp Asp Arg Leu
210 215 220

Arg Asp Gly Glu Arg Cys Arg Asp Asp Ser Phe Phe Gly Glu Thr Ser
225 230 235 240

His Asn Tyr His Lys Phe Asp Ser Glu Tyr Glu Arg Met Gly Arg Gly
245 250 255

Pro Gly Pro Leu Gln Glu Arg Ser Leu Phe Glu Lys Lys Arg Gly Ala
260 265 270

Pro Pro Ser Ser Asn Ile Glu Asp Phe His Gly Leu Leu Pro Lys Gly
275 280 285

Tyr Pro His Leu Cys Ser Ile Cys Asp Leu Pro Val His Ser Asn Lys
290 295 300

Glu Trp Ser Gln His Ile Asn Gly Ala Ser His Ser Arg Arg Cys Gln
305 310 315 320

Leu Leu Leu Glu Ile Tyr Pro Glu Trp Asn Pro Asp Asn Asp Thr Gly
325 330 335

His Thr Met Gly Asp Pro Phe Met Leu Gln Gln Ser Thr Asn Pro Ala
340 345 350

Ala Met Ala Met Val Asp His Cys Leu Lys Lys Ala Leu Trp Phe Gln
545 550 555 560

Gly Arg Cys Val Lys Val Asp Leu Ser Glu Lys Tyr Lys Lys Leu Val
565 570 575

Leu Arg Ile Pro Asn Arg Gly Ile Asp Leu Leu Lys Lys Asp Lys Ser
580 585 590

Arg Lys Arg Ser Tyr Ser Pro Asp Gly Lys Glu Ser Pro Ser Asp Lys
595 600 605

Lys Ser Lys Thr Asp Gly Ser Gln Lys Thr Glu Ser Ser Thr Glu Gly
610 615 620

Lys Glu Gln Glu Glu Lys Ser Gly Glu Asp Gly Glu Lys Asp Thr Lys
625 630 635 640

Asp Asp Gln Thr Glu Gln Glu Pro Asn Met Leu Leu Glu Ser Glu Asp
645 650 655

Glu Leu Leu Val Asp Glu Glu Glu Ala Ala Ala Leu Leu Glu Ser Gly
660 665 670

Ser Ser Val Gly Asp Glu Thr Asp Leu Ala Asn Leu Gly Asp Val Ala
675 680 685

Ser Asp Gly Lys Lys Glu Pro Ser Asp Lys Ala Val Lys Lys Asp Gly
690 695 700

Ser Ala Ser Ala Ala Ala Lys Lys Lys Leu Lys Lys Val Asp Lys Ile
705 710 715 720

Glu Glu Leu Asp Gln Glu Asn Glu Ala Ala Leu Glu Asn Gly Ile Lys
725 730 735

Asn Glu Glu Asn Thr Glu Pro Gly Ala Glu Ser Ser Glu Asn Ala Asp
740 745 750

Asp Pro Asn Lys Asp Thr Ser Glu Asn Ala Asp Gly Gln Ser Asp Glu
755 760 765

Asn Lys Asp Asp Tyr Thr Ile Pro Asp Glu Tyr Arg Ile Gly Pro Tyr
770 775 780

Gln Pro Asn Val Pro Val Gly Ile Asp Tyr Val Ile Pro Lys Thr Gly
785 790 795 800

Phe Tyr Cys Lys Leu Cys Ser Leu Phe Tyr Thr Asn Glu Glu Val Ala
805 810 815

Lys Asn Thr His Cys Ser Ser Leu Pro His Tyr Gln Lys Leu Lys Lys
820 825 830

Phe Leu Asn Lys Leu Ala Glu Glu Arg Arg Gln Lys Lys Glu Thr
835 840 845

<210> 23
<211> 1339
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (47)..(1018)
<223>

<400> 23
gaattccgat tagtgtgata tcagctcaag gcaaagggtgg gatata atg gca tct 55
Met Ala Ser
1

atc tgg gtt gga cac cga gga aca gta aga gat tat cca gac ttt agc 103
Ile Trp Val Gly His Arg Gly Thr Val Arg Asp Tyr Pro Asp Phe Ser
5 10 15

cca tca gtg gat gct gaa gct att cag aaa gca atc aga gga att gga 151
Pro Ser Val Asp Ala Glu Ala Ile Gln Lys Ala Ile Arg Gly Ile Gly
20 25 30 35

act gat gag aaa atg ctc atc agc att ctg act gag agg tca aat gca 199

Thr	Asp	Glu	Lys	Met	Leu	Ile	Ser	Ile	Leu	Thr	Glu	Arg	Ser	Asn	Ala	
				40					45					50		
cag	cgg	cag	ctg	att	gtt	aag	gaa	tat	caa	gca	gca	tat	gga	aag	gag	247
Gln	Arg	Gln	Leu	Ile	Val	Lys	Glu	Tyr	Gln	Ala	Ala	Tyr	Gly	Lys	Glu	
			55					60					65			
ctg	aaa	gat	gac	ttg	aag	ggt	gat	ctc	tct	ggc	cac	ttt	gag	cat	ctc	295
Leu	Lys	Asp	Asp	Leu	Lys	Gly	Asp	Leu	Ser	Gly	His	Phe	Glu	His	Leu	
		70					75					80				
atg	gtg	gcc	cta	gtg	act	cca	cca	gca	gtc	ttt	gat	gca	aag	cag	cta	343
Met	Val	Ala	Leu	Val	Thr	Pro	Pro	Ala	Val	Phe	Asp	Ala	Lys	Gln	Leu	
	85					90					95					
aag	aaa	tcc	atg	aag	ggc	gcg	gga	aca	aac	gaa	gat	gcc	ttg	att	gaa	391
Lys	Lys	Ser	Met	Lys	Gly	Ala	Gly	Thr	Asn	Glu	Asp	Ala	Leu	Ile	Glu	
100					105					110					115	
atc	tta	act	acc	agg	aca	agc	agg	caa	atg	aag	gat	atc	tct	caa	gcc	439
Ile	Leu	Thr	Thr	Arg	Thr	Ser	Arg	Gln	Met	Lys	Asp	Ile	Ser	Gln	Ala	
				120					125					130		
tat	tat	aca	gta	tac	aag	aag	agt	ctt	gga	gat	gac	att	agt	tcc	gaa	487
Tyr	Tyr	Thr	Val	Tyr	Lys	Lys	Ser	Leu	Gly	Asp	Asp	Ile	Ser	Ser	Glu	
			135					140					145			
aca	tct	ggt	gac	ttc	cgg	aaa	gct	ctg	ttg	act	ttg	gca	gat	ggc	aga	535
Thr	Ser	Gly	Asp	Phe	Arg	Lys	Ala	Leu	Leu	Thr	Leu	Ala	Asp	Gly	Arg	
		150					155					160				
aga	gat	gaa	agt	ctg	aaa	gtg	gat	gag	cat	ctg	gcc	aaa	caa	gat	gcc	583
Arg	Asp	Glu	Ser	Leu	Lys	Val	Asp	Glu	His	Leu	Ala	Lys	Gln	Asp	Ala	
	165					170					175					
cag	att	ctc	tat	aaa	gct	ggt	gag	aac	aga	tgg	ggc	acg	gat	gaa	gac	631
Gln	Ile	Leu	Tyr	Lys	Ala	Gly	Glu	Asn	Arg	Trp	Gly	Thr	Asp	Glu	Asp	
180					185					190					195	
aaa	ttc	act	gag	atc	ctg	tgt	tta	agg	agc	ttt	cct	caa	tta	aaa	cta	679
Lys	Phe	Thr	Glu	Ile	Leu	Cys	Leu	Arg	Ser	Phe	Pro	Gln	Leu	Lys	Leu	
				200					205					210		
aca	ttt	gat	gaa	tac	aga	aat	atc	agc	caa	aag	gac	att	gtg	gac	agc	727
Thr	Phe	Asp	Glu	Tyr	Arg	Asn	Ile	Ser	Gln	Lys	Asp	Ile	Val	Asp	Ser	
			215					220					225			
ata	aaa	gga	gaa	tta	tct	ggg	cat	ttt	gaa	gac	tta	ctg	ttg	gcc	ata	775
Ile	Lys	Gly	Glu	Leu	Ser	Gly	His	Phe	Glu	Asp	Leu	Leu	Leu	Ala	Ile	
		230					235					240				

gtt	aat	tgt	gtg	agg	aac	acg	cgg	gcc	ttt	tta	gcc	gaa	aga	ctg	cat	823
Val	Asn	Cys	Val	Arg	Asn	Thr	Pro	Ala	Phe	Leu	Ala	Glu	Arg	Leu	His	
245			250			255										
cga	gcc	ttg	aag	ggg	att	gga	act	gat	gag	ttt	act	ctg	aac	cga	ata	871
Arg	Ala	Leu	Lys	Gly	Ile	Gly	Thr	Asp	Glu	Phe	Thr	Leu	Asn	Arg	Ile	
260				265				270				275				
atg	gtg	tcc	aga	tca	gaa	att	gac	ctt	ttg	gac	att	cga	aca	gag	ttc	919
Met	Val	Ser	Arg	Ser	Glu	Ile	Asp	Leu	Leu	Asp	Ile	Arg	Thr	Glu	Phe	
			280						285			290				
aag	aag	cat	tat	ggc	tat	tcc	cta	tat	tca	gca	att	aaa	tcg	gat	act	967
Lys	Lys	His	Tyr	Gly	Tyr	Ser	Leu	Tyr	Ser	Ala	Ile	Lys	Ser	Asp	Thr	
			295						300			305				
tct	gga	gac	tat	gaa	atc	aca	ctc	tta	aaa	atc	tgt	ggg	gga	gat	gac	1015
Ser	Gly	Asp	Tyr	Glu	Ile	Thr	Leu	Leu	Lys	Ile	Cys	Gly	Gly	Asp	Asp	
			310						315			320				
tga	accaagaaga	taatctccaa	agggtccacga	tgggctttcc	caacagctcc	1068										
accttacttc	ttctcatact	atttaagaga	acaagcaa	atataacagca	acttgtgttc	1128										
ctaacaggaa	ttttcattgt	tctataacaa	caacaacaaa	agcgattatt	attttagagc	1188										
atctcattta	taatgtagca	gctcataaat	gaaattgaaa	atgggtattaa	agatctgcaa	1248										
ctactatecca	acttatat	ctgctttcaa	agttaagaat	ctttatagtt	ctactccatt	1308										
aaatataaag	caagataata	aaacggaatt	c	1339												

<210> 24
 <211> 323
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 24

Met	Ala	Ser	Ile	Trp	Val	Gly	His	Arg	Gly	Thr	Val	Arg	Asp	Tyr	Pro	
1				5					10					15		
Asp	Phe	Ser	Pro	Ser	Val	Asp	Ala	Glu	Ala	Ile	Gln	Lys	Ala	Ile	Arg	
			20						25						30	
Gly	Ile	Gly	Thr	Asp	Glu	Lys	Met	Leu	Ile	Ser	Ile	Leu	Thr	Glu	Arg	

35

40

45

Ser Asn Ala Gln Arg Gln Leu Ile Val Lys Glu Tyr Gln Ala Ala Tyr
 50 55 60

Gly Lys Glu Leu Lys Asp Asp Leu Lys Gly Asp Leu Ser Gly His Phe
 65 70 75 80

Glu His Leu Met Val Ala Leu Val Thr Pro Pro Ala Val Phe Asp Ala
 85 90 95

Lys Gln Leu Lys Lys Ser Met Lys Gly Ala Gly Thr Asn Glu Asp Ala
 100 105 110

Leu Ile Glu Ile Leu Thr Thr Arg Thr Ser Arg Gln Met Lys Asp Ile
 115 120 125

Ser Gln Ala Tyr Tyr Thr Val Tyr Lys Lys Ser Leu Gly Asp Asp Ile
 130 135 140

Ser Ser Glu Thr Ser Gly Asp Phe Arg Lys Ala Leu Leu Thr Leu Ala
 145 150 155 160

Asp Gly Arg Arg Asp Glu Ser Leu Lys Val Asp Glu His Leu Ala Lys
 165 170 175

Gln Asp Ala Gln Ile Leu Tyr Lys Ala Gly Glu Asn Arg Trp Gly Thr
 180 185 190

Asp Glu Asp Lys Phe Thr Glu Ile Leu Cys Leu Arg Ser Phe Pro Gln
 195 200 205

Leu Lys Leu Thr Phe Asp Glu Tyr Arg Asn Ile Ser Gln Lys Asp Ile
 210 215 220

Val Asp Ser Ile Lys Gly Glu Leu Ser Gly His Phe Glu Asp Leu Leu
 225 230 235 240

Leu Ala Ile Val Asn Cys Val Arg Asn Thr Pro Ala Phe Leu Ala Glu
245 250 255

Arg Leu His Arg Ala Leu Lys Gly Ile Gly Thr Asp Glu Phe Thr Leu
260 265 270

Asn Arg Ile Met Val Ser Arg Ser Glu Ile Asp Leu Leu Asp Ile Arg
275 280 285

Thr Glu Phe Lys Lys His Tyr Gly Tyr Ser Leu Tyr Ser Ala Ile Lys
290 295 300

Ser Asp Thr Ser Gly Asp Tyr Glu Ile Thr Leu Leu Lys Ile Cys Gly
305 310 315 320

Gly Asp Asp

<210> 25
<211> 1659
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (152)..(1201)
<223>

<400> 25
gctggggg c g ggtcctgcgg caccgcccgg gaagctgcgc gagggtcgac agcctccgcc 60
acatcctcca cctctcttgg tccagcgcgc gttgccgggc caggggtcaag cggagggctc 120
cgacggcgcg gacggagcga agcgccgcgc c atg gcg cac caa acg ggc atc 172
Met Ala His Gln Thr Gly Ile
1 5
cac gcc acg gaa gag ctg aag gaa ttc ttt gcc aag gca cgg gct ggc 220
His Ala Thr Glu Glu Leu Lys Glu Phe Phe Ala Lys Ala Arg Ala Gly
10 15 20
tct gtg cgg ctc atc aag gtt gtg att gag gac gag cag ctc gtg ctg 268
Ser Val Arg Leu Ile Lys Val Val Ile Glu Asp Glu Gln Leu Val Leu

25		30		35	
ggt gcc tcg cag gag cca gta ggc cgc tgg gat cag gac tat gac agg	316				
Gly Ala Ser Gln Glu Pro Val Gly Arg Trp Asp Gln Asp Tyr Asp Arg					
40 45 50 55					
gcc gtg ctg cca ctg ctg gac gcc cag cag ccc tgc tac ctg ctc tac	364				
Ala Val Leu Pro Leu Leu Asp Ala Gln Gln Pro Cys Tyr Leu Leu Tyr					
60 65 70					
cgc ctc gac tca cag aat gct cag ggc ttc gaa tgg ctc ttc ctc gcc	412				
Arg Leu Asp Ser Gln Asn Ala Gln Gly Phe Glu Trp Leu Phe Leu Ala					
75 80 85					
tgg tcg cct gat aac tcc ccc gtg cgg ctg aag atg ctg tac gcg gcc	460				
Trp Ser Pro Asp Asn Ser Pro Val Arg Leu Lys Met Leu Tyr Ala Ala					
90 95 100					
acg cgg gcc aca gtg aaa aag gag ttt gga ggt ggc cac atc aag gat	508				
Thr Arg Ala Thr Val Lys Lys Glu Phe Gly Gly Gly His Ile Lys Asp					
105 110 115					
gag ctc ttc ggg act gtg aag gat gac ctc tct ttt gct ggg tac cag	556				
Glu Leu Phe Gly Thr Val Lys Asp Asp Leu Ser Phe Ala Gly Tyr Gln					
120 125 130 135					
aaa cac ctg tcg tcc tgt gcg gca cct gcc ccg ctg acc tcg gct gag	604				
Lys His Leu Ser Ser Cys Ala Ala Pro Ala Pro Leu Thr Ser Ala Glu					
140 145 150					
aga gag ctc cag cag atc cgc att aac gag gtg aag aca gag atc agt	652				
Arg Glu Leu Gln Gln Ile Arg Ile Asn Glu Val Lys Thr Glu Ile Ser					
155 160 165					
gtg gaa agc aag cac cag acc ctg cag ggc ctc gcc ttc ccc ctg cag	700				
Val Glu Ser Lys His Gln Thr Leu Gln Gly Leu Ala Phe Pro Leu Gln					
170 175 180					
cct gag gcc cag cgg gca ctc cag cag ctc aag cag aaa atg gtc aac	748				
Pro Glu Ala Gln Arg Ala Leu Gln Gln Leu Lys Gln Lys Met Val Asn					
185 190 195					
tac atc cag atg aag ctg gac cta gag cgg gaa acc att gag ctg gtg	796				
Tyr Ile Gln Met Lys Leu Asp Leu Glu Arg Glu Thr Ile Glu Leu Val					
200 205 210 215					
cac aca gag ccc acg gat gtg gcc cag ctg ccc tcc cgg gtg ccc cga	844				
His Thr Glu Pro Thr Asp Val Ala Gln Leu Pro Ser Arg Val Pro Arg					
220 225 230					

gat gct gcc cgc tac cac ttc ttc ctc tac aag cac acc cat gag ggc	892
Asp Ala Ala Arg Tyr His Phe Phe Leu Tyr Lys His Thr His Glu Gly	
235 240 245	
 gac ccc ctt gag tct gta gtg ttc atc tac tcc atg ccg ggg tac aag	940
Asp Pro Leu Glu Ser Val Val Phe Ile Tyr Ser Met Pro Gly Tyr Lys	
250 255 260	
 tgc agc atc aag gag cga atg ctc tac tcc agc tgc aag agc cgc ctc	988
Cys Ser Ile Lys Glu Arg Met Leu Tyr Ser Ser Cys Lys Ser Arg Leu	
265 270 275	
 ctc gac tcc gtg gag cag gac ttc cat ctg gag atc gcc aag aaa att	1036
Leu Asp Ser Val Glu Gln Asp Phe His Leu Glu Ile Ala Lys Lys Ile	
280 285 290 295	
 gag att ggc gat ggg gca gag ctg acg gca gag ttc ctc tac gac gag	1084
Glu Ile Gly Asp Gly Ala Glu Leu Thr Ala Glu Phe Leu Tyr Asp Glu	
300 305 310	
 gtg cac ccc aag caa cac gcc ttc aag cag gcc ttc gcc aag ccc aag	1132
Val His Pro Lys Gln His Ala Phe Lys Gln Ala Phe Ala Lys Pro Lys	
315 320 325	
 ggc cca ggg ggc aag cgg ggc cat aag cgc ctc atc cgc ggc ccg ggt	1180
Gly Pro Gly Gly Lys Arg Gly His Lys Arg Leu Ile Arg Gly Pro Gly	
330 335 340	
 gaa aat ggg gat gac agc tag gagggctggag caggggccggc cacgtgtgga	1231
Glu Asn Gly Asp Asp Ser	
345	
 ctgtggggct gcccaccttc cgetccctgc caccatcctc cttectgggc tccaggaaag	1291
tgtttctggg aggtcaggag ggctggcagc tgaacgcact tgcagcgctcc gagggccacc	1351
gggctggcat tttgtgaccc ttccctgttg ctgtccctgc atctcgtctg tgtgcccagg	1411
gtgtccgggg accctgcctg gctggcttaa gggggctggg tcaggggcct ggcatgaacc	1471
tggcctcccg gggagctgag actaggggtcc cagcacagcc cagaaacctt tggccacaag	1531
aagtggggtc agtcagggtc ggggcagggg tcaactgcagt ttgggatggg tgaatgctgt	1591
attttctaaa gaataaaata tttttaaatc aagaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	1651
aaaaaaaaa	1659

<211> 349
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 26

Met Ala His Gln Thr Gly Ile His Ala Thr Glu Glu Leu Lys Glu Phe
1 5 10 15

Phe Ala Lys Ala Arg Ala Gly Ser Val Arg Leu Ile Lys Val Val Ile
20 25 30

Glu Asp Glu Gln Leu Val Leu Gly Ala Ser Gln Glu Pro Val Gly Arg
35 40 45

Trp Asp Gln Asp Tyr Asp Arg Ala Val Leu Pro Leu Leu Asp Ala Gln
50 55 60

Gln Pro Cys Tyr Leu Leu Tyr Arg Leu Asp Ser Gln Asn Ala Gln Gly
65 70 75 80

Phe Glu Trp Leu Phe Leu Ala Trp Ser Pro Asp Asn Ser Pro Val Arg
85 90 95

Leu Lys Met Leu Tyr Ala Ala Thr Arg Ala Thr Val Lys Lys Glu Phe
100 105 110

Gly Gly Gly His Ile Lys Asp Glu Leu Phe Gly Thr Val Lys Asp Asp
115 120 125

Leu Ser Phe Ala Gly Tyr Gln Lys His Leu Ser Ser Cys Ala Ala Pro
130 135 140

Ala Pro Leu Thr Ser Ala Glu Arg Glu Leu Gln Gln Ile Arg Ile Asn
145 150 155 160

Glu Val Lys Thr Glu Ile Ser Val Glu Ser Lys His Gln Thr Leu Gln
165 170 175

Gly Leu Ala Phe Pro Leu Gln Pro Glu Ala Gln Arg Ala Leu Gln Gln
180 185 190

Leu Lys Gln Lys Met Val Asn Tyr Ile Gln Met Lys Leu Asp Leu Glu
195 200 205

Arg Glu Thr Ile Glu Leu Val His Thr Glu Pro Thr Asp Val Ala Gln
210 215 220

Leu Pro Ser Arg Val Pro Arg Asp Ala Ala Arg Tyr His Phe Phe Leu
225 230 235 240

Tyr Lys His Thr His Glu Gly Asp Pro Leu Glu Ser Val Val Phe Ile
245 250 255

Tyr Ser Met Pro Gly Tyr Lys Cys Ser Ile Lys Glu Arg Met Leu Tyr
260 265 270

Ser Ser Cys Lys Ser Arg Leu Leu Asp Ser Val Glu Gln Asp Phe His
275 280 285

Leu Glu Ile Ala Lys Lys Ile Glu Ile Gly Asp Gly Ala Glu Leu Thr
290 295 300

Ala Glu Phe Leu Tyr Asp Glu Val His Pro Lys Gln His Ala Phe Lys
305 310 315 320

Gln Ala Phe Ala Lys Pro Lys Gly Pro Gly Gly Lys Arg Gly His Lys
325 330 335

Arg Leu Ile Arg Gly Pro Gly Glu Asn Gly Asp Asp Ser
340 345

<210> 27

<211> 2765

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS
<222> (91)..(837)
<223>

<400> 27

gggagacgtg gtgccgctgc gggctcgcctc tgccgtgcgc taggcttggt gggaaggcct 60

gttctcagagt ccgcgcctttt cgtcaccgcc atg tcg gga ggt ggt gtg att cgt 114

Met Ser Gly Gly Gly Val Ile Arg

1

5

ggc ccc gca ggg aac aac gat tgc cgc atc tac gtg ggt aac tta cct 162

Gly Pro Ala Gly Asn Asn Asp Cys Arg Ile Tyr Val Gly Asn Leu Pro

10

15

20

cca gac atc cga acc aag gac att gag gac gtg ttc tac aaa tac ggc 210

Pro Asp Ile Arg Thr Lys Asp Ile Glu Asp Val Phe Tyr Lys Tyr Gly

25

30

35

40

gct atc cgc gac atc gac ctc aag aat cgc cgc ggg gga ccg ccc ttc 258

Ala Ile Arg Asp Ile Asp Leu Lys Asn Arg Arg Gly Gly Pro Pro Phe

45

50

55

gcc ttc gtt gag ttc gag gac ccg cga gac gcg gaa gac gcg gtg tat 306

Ala Phe Val Glu Phe Glu Asp Pro Arg Asp Ala Glu Asp Ala Val Tyr

60

65

70

ggt cgc gac ggc tat gat tac gat ggg tac cgt ctg cgg gtg gag ttt 354

Gly Arg Asp Gly Tyr Asp Tyr Asp Gly Tyr Arg Leu Arg Val Glu Phe

75

80

85

cct cga agc ggc cgt gga aca ggc cga ggc ggc ggc ggc ggt gga ggt 402

Pro Arg Ser Gly Arg Gly Thr Gly Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly

90

95

100

ggc gga gct ccc cga ggt cgc tat ggc ccc cca tcc agg cgg tct gaa 450

Gly Gly Ala Pro Arg Gly Arg Tyr Gly Pro Pro Ser Arg Arg Ser Glu

105

110

115

120

aac aga gtg gtt gtc tct gga ctg cct cca agt gga agt tgg cag gat 498

Asn Arg Val Val Val Ser Gly Leu Pro Pro Ser Gly Ser Trp Gln Asp

125

130

135

tta aag gat cac atg cgt gaa gca ggt gat gta tgt tat gct gat gtt 546

Leu Lys Asp His Met Arg Glu Ala Gly Asp Val Cys Tyr Ala Asp Val

140

145

150

tac cga gat ggc act ggt gtc gtg gag ttt gta cgg aaa gaa gat atg 594

Tyr Arg Asp Gly Thr Gly Val Val Glu Phe Val Arg Lys Glu Asp Met

155

160

165

acc tat gca gtt cga aaa ctg gat aac act aag ttt aga tct cat gag	642
Thr Tyr Ala Val Arg Lys Leu Asp Asn Thr Lys Phe Arg Ser His Glu	
170 175 180	
gga gaa act gcc tac atc cgg gtt aaa gtt gat ggg ccc aga agt cca	690
Gly Glu Thr Ala Tyr Ile Arg Val Lys Val Asp Gly Pro Arg Ser Pro	
185 190 195 200	
agt tat gga aga tct cga tct cga agc cgt agt cgt agc aga agc cgt	738
Ser Tyr Gly Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg	
205 210 215	
agc aga agc aac agc agg agt cgc agt tac tcc cca agg aga agc aga	786
Ser Arg Ser Asn Ser Arg Ser Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Arg Ser Arg	
220 225 230	
gga tca cca cgc tat tct ccc cgt cat agc aga tct cgc tct cgt aca	834
Gly Ser Pro Arg Tyr Ser Pro Arg His Ser Arg Ser Arg Ser Arg Thr	
235 240 245	
taa gatgattggg gacacttttt gtagaaccca tgttgtatac agttttcctt	887
tattcagtac aatcttttca ttttttaatt caaactgttt tgttcagaat gggctaaagt	947
gttgaattgc attcttgtaa tatecccttg ctccctaacat ctacattccc ttcgtgtctt	1007
tgataaattg tattttaagt gatgtcatag acaggattgt ttaaatttag ttaactccat	1067
actcttcaga ctgtgatatt gtgtaaatgt ctatctgccc tggtttggtg gaactgggat	1127
gttgggggtg tttgtggtta tcttacctgg ggaagttctt atgtttatct tgcttttcat	1187
gtgtctttct gtagacatat ctgaagagat ggattaagaa tgctttggat taaggattgt	1247
ggagcacatt tcaatcattt taggattgtc aaaaggagga ttgaggagga tcagatcaat	1307
aatggaggca atggtatgac tccaagtgtc attgtcacag atgaaattgg cagtattgac	1367
cttatactaa aaggcagggg ttaaaaaatga ttatatacat tttccttaaa acacttgcaa	1427
acattttatt cagttgtctt tagctacaat tgctttgctt tttaaacctt ggcaattgtg	1487
gcaaaaattat attgcccatt ttgtagcaac ttattttgct cccttcccc catttttggt	1547
ttaataggga ctaatgtggg aagaactggc taatttgtea cagtgccttag ttacaactgt	1607
taatgtgtga cctgctgttg gtgtacatgt ggggtacaggg tgttttttaa tccaacaaga	1667
tagagtataa tatcaatact gctaaatctg catgtcctct gtgtgactga tagagcgttg	1727

ctatttcatt tttttaagac aaaatgaaag caaaatatag agttccaatg tattgggtgta 1787
gataatctag ttgggaatac ttttaagtct caccctccccc tttaaactaa tattcataat 1847
tggttcatat gtttaaaaga ctttaattta caaattaaat tgcaaatggg agcattagat 1907
ttagtttttag acttaggtgg gtagcaatgc cagtaaacctt aaattacgta acttcttgca 1967
accacgaaac ctgtaatacg ctgtacagta acaagtgttg gcattatcag ttgaactgta 2027
aatacaaaat gcttcttcca attagtcctt atgatgatta agtttctaaa atttatctga 2087
acaccattca gaaacttggt ttgggggaatt tgatagttat tgatgtgcat ctgttaaaact 2147
gatgacagac ataactcacc attccccaga aacctttttt gattacagta tctaacattt 2207
tgccctcctct tttttgggtt tgctggttat aaagggtttg attggagagg gctcactgga 2267
tcccaatcct tggagctgga tcattggatt caaatcataa tgtggatagg atagggagga 2327
tgaattaccc aggattcatg gagcgggac agattaccag gaacatagga gtggattcct 2387
gccccaaacca aaccgcattc gtgtggattt ttttattcaa ctttaattggc tattccaaag 2447
atTTTTTTTT tcttattttt gacgattgga gcccttaaga tgcacgatgg aattgtgttt 2507
tgcgtttttt ggtaaaagga gcaaagcgag gacctggaga taaacgctgg agcaatctcc 2567
ttggaaggat tcagcacgag tagatggtaa acatttaag gggaaagggg gggtttggtt 2627
aaaatagtaa atcagtaagt cacttctaaa tttaaagaaa acaaaaattgg agttgaagaa 2687
taagtaggtt tccaattggc tattgccgtt ttctttgaaa aaataaacat tttttaaaaa 2747
actaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2765

<210> 28
<211> 248
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 28

Met Ser Gly Gly Gly Val Ile Arg Gly Pro Ala Gly Asn Asn Asp Cys
1 5 10 15

Arg Ile Tyr Val Gly Asn Leu Pro Pro Asp Ile Arg Thr Lys Asp Ile

20

25

30

Glu Asp Val Phe Tyr Lys Tyr Gly Ala Ile Arg Asp Ile Asp Leu Lys
 35 40 45

Asn Arg Arg Gly Gly Pro Pro Phe Ala Phe Val Glu Phe Glu Asp Pro
 50 55 60

Arg Asp Ala Glu Asp Ala Val Tyr Gly Arg Asp Gly Tyr Asp Tyr Asp
 65 70 75 80

Gly Tyr Arg Leu Arg Val Glu Phe Pro Arg Ser Gly Arg Gly Thr Gly
 85 90 95

Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Pro Arg Gly Arg Tyr
 100 105 110

Gly Pro Pro Ser Arg Arg Ser Glu Asn Arg Val Val Val Ser Gly Leu
 115 120 125

Pro Pro Ser Gly Ser Trp Gln Asp Leu Lys Asp His Met Arg Glu Ala
 130 135 140

Gly Asp Val Cys Tyr Ala Asp Val Tyr Arg Asp Gly Thr Gly Val Val
 145 150 155 160

Glu Phe Val Arg Lys Glu Asp Met Thr Tyr Ala Val Arg Lys Leu Asp
 165 170 175

Asn Thr Lys Phe Arg Ser His Glu Gly Glu Thr Ala Tyr Ile Arg Val
 180 185 190

Lys Val Asp Gly Pro Arg Ser Pro Ser Tyr Gly Arg Ser Arg Ser Arg
 195 200 205

Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Asn Ser Arg Ser Arg
 210 215 220

Ser Tyr Ser Pro Arg Arg Ser Arg Gly Ser Pro Arg Tyr Ser Pro Arg
 225 230 235 240

His Ser Arg Ser Arg Ser Arg Thr
 245

<210> 29
 <211> 1167
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (73)..(966)
 <223>

<400> 29
 gccaaacttct ccagccggcc ggggcgagcg ccagcgcggc gtccggggcg agtgacacgc 60

agagctgaag cc atg gtt cat cag gtg ctc tac cgg gcg ctg gtc tcc acc 111
 Met Val His Gln Val Leu Tyr Arg Ala Leu Val Ser Thr
 1 5 10

aag tgg ctg gcg gag tcc atc agg act ggc aag ctg ggg ccc ggc ctg 159
 Lys Trp Leu Ala Glu Ser Ile Arg Thr Gly Lys Leu Gly Pro Gly Leu
 15 20 25

cgg gtg ctg gac gcg tcc tgg tac tca cca ggc acc cga gag gcc cgc 207
 Arg Val Leu Asp Ala Ser Trp Tyr Ser Pro Gly Thr Arg Glu Ala Arg
 30 35 40 45

aag gag tac ctc gag cgc cac gta ccc ggc gcc tct ttc ttt gac ata 255
 Lys Glu Tyr Leu Glu Arg His Val Pro Gly Ala Ser Phe Phe Asp Ile
 50 55 60

gaa gag tgc cgg gac acg gcg tcg ccc tac gag atg atg ctg ccc agc 303
 Glu Glu Cys Arg Asp Thr Ala Ser Pro Tyr Glu Met Met Leu Pro Ser
 65 70 75

gag gct ggc ttc gcc gag tat gtg ggc cgc ctg ggc atc agc aac cac 351
 Glu Ala Gly Phe Ala Glu Tyr Val Gly Arg Leu Gly Ile Ser Asn His
 80 85 90

acg cac gtg gtg gtg tat gat ggt gaa cac ctg ggc agc ttc tat gct 399
 Thr His Val Val Val Tyr Asp Gly Glu His Leu Gly Ser Phe Tyr Ala
 95 100 105

ccc	cgg	gtc	tgg	tgg	atg	ttc	cgt	gtg	ttt	ggc	cac	cgc	acc	gta	tca	447
Pro	Arg	Val	Trp	Trp	Met	Phe	Arg	Val	Phe	Gly	His	Arg	Thr	Val	Ser	
110					115					120					125	
gtg	ctc	aat	ggg	ggc	ttc	cgg	aac	tgg	ctg	aag	gag	ggc	cac	ccg	gtg	495
Val	Leu	Asn	Gly	Gly	Phe	Arg	Asn	Trp	Leu	Lys	Glu	Gly	His	Pro	Val	
			130						135					140		
aca	tcc	gag	ccc	tca	cgc	cca	gaa	ccg	gcc	gtc	ttc	aaa	gcc	aca	ctg	543
Thr	Ser	Glu	Pro	Ser	Arg	Pro	Glu	Pro	Ala	Val	Phe	Lys	Ala	Thr	Leu	
			145					150					155			
gac	cgc	tcc	ctg	ctc	aag	acc	tac	gag	cag	gtg	ctg	gag	aac	ctt	gaa	591
Asp	Arg	Ser	Leu	Leu	Lys	Thr	Tyr	Glu	Gln	Val	Leu	Glu	Asn	Leu	Glu	
		160					165					170				
tct	aag	agg	ttc	cag	ctg	gtg	gat	tca	agg	tct	caa	ggg	cgg	ttc	ctg	639
Ser	Lys	Arg	Phe	Gln	Leu	Val	Asp	Ser	Arg	Ser	Gln	Gly	Arg	Phe	Leu	
	175					180					185					
ggc	acc	gag	ccg	gag	ccg	gat	gca	gta	gga	ctg	gac	tcg	ggc	cat	atc	687
Gly	Thr	Glu	Pro	Glu	Pro	Asp	Ala	Val	Gly	Leu	Asp	Ser	Gly	His	Ile	
190					195					200					205	
cgt	ggg	gcc	gtc	aac	atg	cct	ttc	atg	gac	ttc	ctg	act	gag	gat	ggc	735
Arg	Gly	Ala	Val	Asn	Met	Pro	Phe	Met	Asp	Phe	Leu	Thr	Glu	Asp	Gly	
			210						215					220		
ttc	gag	aag	ggc	cca	gaa	gag	ctc	cgt	gct	ctg	ttc	cag	acc	aag	aag	783
Phe	Glu	Lys	Gly	Pro	Glu	Glu	Leu	Arg	Ala	Leu	Phe	Gln	Thr	Lys	Lys	
			225					230					235			
gtg	gat	ctc	tcg	cag	cct	ctc	att	gcc	acg	tgc	cgc	aag	gga	gtc	acc	831
Val	Asp	Leu	Ser	Gln	Pro	Leu	Ile	Ala	Thr	Cys	Arg	Lys	Gly	Val	Thr	
		240					245					250				
gcc	tgc	cac	gtg	gcc	ttg	gct	gcc	tac	ctc	tgc	ggc	aag	cct	gat	gtg	879
Ala	Cys	His	Val	Ala	Leu	Ala	Ala	Tyr	Leu	Cys	Gly	Lys	Pro	Asp	Val	
	255					260					265					
gcc	gtg	tac	gat	ggc	tcc	tgg	tcc	gag	tgg	ttt	cgc	cgg	gcc	ccc	cca	927
Ala	Val	Tyr	Asp	Gly	Ser	Trp	Ser	Glu	Trp	Phe	Arg	Arg	Ala	Pro	Pro	
270					275					280					285	
gag	agc	cgt	gtg	tcc	cag	gga	aag	tct	gag	aag	gcc	tga	gcc	gtg	acct	976
Glu	Ser	Arg	Val	Ser	Gln	Gly	Lys	Ser	Glu	Lys	Ala					
			290						295							
cttctgctta ctgtaactgc ggccgggttta gtgaccccat gaattacagc cggtttcttac																1036

```

ctcttaggtg aaggagatga catgttttta gaattgctgt gcaaggctca cctctctct 1096
gtcaacactg gaataaactt tgccttttct gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1156
aaaaaaaaaa a 1167

```

```

<210> 30
<211> 297
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 30

```

```

Met Val His Gln Val Leu Tyr Arg Ala Leu Val Ser Thr Lys Trp Leu
1          5          10          15

```

```

Ala Glu Ser Ile Arg Thr Gly Lys Leu Gly Pro Gly Leu Arg Val Leu
          20          25          30

```

```

Asp Ala Ser Trp Tyr Ser Pro Gly Thr Arg Glu Ala Arg Lys Glu Tyr
          35          40          45

```

```

Leu Glu Arg His Val Pro Gly Ala Ser Phe Phe Asp Ile Glu Glu Cys
          50          55          60

```

```

Arg Asp Thr Ala Ser Pro Tyr Glu Met Met Leu Pro Ser Glu Ala Gly
65          70          75          80

```

```

Phe Ala Glu Tyr Val Gly Arg Leu Gly Ile Ser Asn His Thr His Val
          85          90          95

```

```

Val Val Tyr Asp Gly Glu His Leu Gly Ser Phe Tyr Ala Pro Arg Val
          100          105          110

```

```

Trp Trp Met Phe Arg Val Phe Gly His Arg Thr Val Ser Val Leu Asn
          115          120          125

```

```

Gly Gly Phe Arg Asn Trp Leu Lys Glu Gly His Pro Val Thr Ser Glu
          130          135          140

```

Pro Ser Arg Pro Glu Pro Ala Val Phe Lys Ala Thr Leu Asp Arg Ser
145 150 155 160

Leu Leu Lys Thr Tyr Glu Gln Val Leu Glu Asn Leu Glu Ser Lys Arg
165 170 175

Phe Gln Leu Val Asp Ser Arg Ser Gln Gly Arg Phe Leu Gly Thr Glu
180 185 190

Pro Glu Pro Asp Ala Val Gly Leu Asp Ser Gly His Ile Arg Gly Ala
195 200 205

Val Asn Met Pro Phe Met Asp Phe Leu Thr Glu Asp Gly Phe Glu Lys
210 215 220

Gly Pro Glu Glu Leu Arg Ala Leu Phe Gln Thr Lys Lys Val Asp Leu
225 230 235 240

Ser Gln Pro Leu Ile Ala Thr Cys Arg Lys Gly Val Thr Ala Cys His
245 250 255

Val Ala Leu Ala Ala Tyr Leu Cys Gly Lys Pro Asp Val Ala Val Tyr
260 265 270

Asp Gly Ser Trp Ser Glu Trp Phe Arg Arg Ala Pro Pro Glu Ser Arg
275 280 285

Val Ser Gln Gly Lys Ser Glu Lys Ala
290 295

<210> 31
<211> 2110
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (48)..(1346)
<223>

<400> 31

ctgaggccca	gcccccttcg	cccgtttcca	tcacgagtgc	cgccagc	atg	tct	gac	56
					Met	Ser	Asp	
					1			
aaa	ctg	ccc	tac	aaa	gtc	gcc	gac	104
Lys	Leu	Pro	Tyr	Lys	Val	Ala	Asp	
5					10			
aaa	ctg	ccc	tac	aaa	gtc	gcc	gac	104
Lys	Leu	Pro	Tyr	Lys	Val	Ala	Asp	
5					10			
aag	gcc	ctg	gac	att	gct	gag	aac	152
Lys	Ala	Leu	Asp	Ile	Ala	Glu	Asn	
20					25			
aag	gcc	ctg	gac	att	gct	gag	aac	152
Lys	Ala	Leu	Asp	Ile	Ala	Glu	Asn	
20					25			
cgg	gag	cgg	tac	tcg	gcc	tcc	aag	200
Arg	Glu	Arg	Tyr	Ser	Ala	Ser	Lys	
				40				
cgg	gag	cgg	tac	tcg	gcc	tcc	aag	200
Arg	Glu	Arg	Tyr	Ser	Ala	Ser	Lys	
				40				
ggc	tgc	ctg	cac	atg	acc	gtg	gag	248
Gly	Cys	Leu	His	Met	Thr	Val	Glu	
			55					
ggc	tgc	ctg	cac	atg	acc	gtg	gag	248
Gly	Cys	Leu	His	Met	Thr	Val	Glu	
			55					
gtc	acc	ctg	ggc	gct	gag	gtg	cag	296
Val	Thr	Leu	Gly	Ala	Glu	Val	Gln	
		70						
gtc	acc	ctg	ggc	gct	gag	gtg	cag	296
Val	Thr	Leu	Gly	Ala	Glu	Val	Gln	
		70						
acc	cag	gac	cat	gcg	gcg	gct	gcc	344
Thr	Gln	Asp	His	Ala	Ala	Ala	Ala	
	85							
acc	cag	gac	cat	gcg	gcg	gct	gcc	344
Thr	Gln	Asp	His	Ala	Ala	Ala	Ala	
	85							
tat	gcc	tgg	aag	ggc	gaa	acg	gac	392
Tyr	Ala	Trp	Lys	Gly	Glu	Thr	Asp	
100					105			
tat	gcc	tgg	aag	ggc	gaa	acg	gac	392
Tyr	Ala	Trp	Lys	Gly	Glu	Thr	Asp	
100					105			
cag	acc	ctg	tac	ttc	aag	gac	ggg	440
Gln	Thr	Leu	Tyr	Phe	Lys	Asp	Gly	
				120				
cag	acc	ctg	tac	ttc	aag	gac	ggg	440
Gln	Thr	Leu	Tyr	Phe	Lys	Asp	Gly	
				120				
ggg	ggc	gac	ctc	acc	aac	ctc	atc	488
Gly	Gly	Asp	Leu	Thr	Asn	Leu	Ile	
			135					
ggg	ggc	gac	ctc	acc	aac	ctc	atc	488
Gly	Gly	Asp	Leu	Thr	Asn	Leu	Ile	
			135					
cca	ggc	atc	cga	ggc	atc	tct	gag	536
Pro	Gly	Ile	Arg	Gly	Ile	Ser	Glu	
		150						
cca	ggc	atc	cga	ggc	atc	tct	gag	536
Pro	Gly	Ile	Arg	Gly	Ile	Ser	Glu	
		150						
ctc	tac	aag	atg	atg	gcc	aat	ggg	584
Leu	Tyr	Lys	Met	Met	Ala	Asn	Gly	
	165							
ctc	tac	aag	atg	atg	gcc	aat	ggg	584
Leu	Tyr	Lys	Met	Met	Ala	Asn	Gly	
	165							
gtc	aat	gac	tcc	gtc	acc	aag	agc	632
gtc	aat	gac	tcc	gtc	acc	aag	agc	632

Val 180	Asn	Asp	Ser	Val 185	Thr	Lys	Ser	Lys	Phe	Asp 190	Asn	Leu	Tyr	Gly	Cys 195	
cgg	gag	tcc	ctc	ata	gat	ggc	atc	aag	cgg	gcc	aca	gat	gtg	atg	att	680
Arg	Glu	Ser	Leu	Ile	Asp	Gly	Ile	Lys	Arg	Ala	Thr	Asp	Val	Met	Ile	
				200					205					210		
gcc	ggc	aag	gta	gcg	gtg	gta	gca	ggc	tat	ggg	gat	gtg	ggc	aag	ggc	728
Ala	Gly	Lys	Val	Ala	Val	Val	Ala	Gly	Tyr	Gly	Asp	Val	Gly	Lys	Gly	
			215					220					225			
tgt	gcc	cag	gcc	ctg	cgg	ggg	ttc	gga	gcc	cgc	gtc	atc	atc	acc	gag	776
Cys	Ala	Gln	Ala	Leu	Arg	Gly	Phe	Gly	Ala	Arg	Val	Ile	Ile	Thr	Glu	
		230					235					240				
att	gac	ccc	atc	aac	gca	ctg	cag	gct	gcc	atg	gag	ggc	tat	gag	gtg	824
Ile	Asp	Pro	Ile	Asn	Ala	Leu	Gln	Ala	Ala	Met	Glu	Gly	Tyr	Glu	Val	
	245					250					255					
acc	acc	atg	gat	gag	gcc	tgt	cag	gag	ggc	aac	atc	ttt	gtc	acc	acc	872
Thr	Thr	Met	Asp	Glu	Ala	Cys	Gln	Glu	Gly	Asn	Ile	Phe	Val	Thr	Thr	
260					265					270					275	
aca	ggc	tgt	att	gac	atc	atc	ctt	ggc	cgg	cac	ttt	gag	cag	atg	aag	920
Thr	Gly	Cys	Ile	Asp	Ile	Ile	Leu	Gly	Arg	His	Phe	Glu	Gln	Met	Lys	
				280					285					290		
gat	gat	gcc	att	gtg	tgt	aac	att	gga	cac	ttt	gac	gtg	gag	atc	gat	968
Asp	Asp	Ala	Ile	Val	Cys	Asn	Ile	Gly	His	Phe	Asp	Val	Glu	Ile	Asp	
			295					300					305			
gtc	aag	tgg	ctc	aac	gag	aac	gcc	gtg	gag	aag	gtg	aac	atc	aag	ccg	1016
Val	Lys	Trp	Leu	Asn	Glu	Asn	Ala	Val	Glu	Lys	Val	Asn	Ile	Lys	Pro	
		310					315					320				
cag	gtg	gac	cgg	tat	cgg	ttg	aag	aat	ggg	cgc	cgc	atc	atc	ctg	ctg	1064
Gln	Val	Asp	Arg	Tyr	Arg	Leu	Lys	Asn	Gly	Arg	Arg	Ile	Ile	Leu	Leu	
	325					330					335					
gcc	gag	ggg	cgg	ctg	gtc	aac	ctg	ggg	tgt	gcc	atg	ggc	cac	ccc	agc	1112
Ala	Glu	Gly	Arg	Leu	Val	Asn	Leu	Gly	Cys	Ala	Met	Gly	His	Pro	Ser	
340					345					350					355	
ttc	gtg	atg	agt	aac	tcc	ttc	acc	aac	cag	gtg	atg	gcg	cag	atc	gag	1160
Phe	Val	Met	Ser	Asn	Ser	Phe	Thr	Asn	Gln	Val	Met	Ala	Gln	Ile	Glu	
				360					365					370		
ctg	tgg	acc	cat	cca	gac	aag	tac	ccc	gtt	ggg	gtt	cat	ttc	ctg	ccc	1208
Leu	Trp	Thr	His	Pro	Asp	Lys	Tyr	Pro	Val	Gly	Val	His	Phe	Leu	Pro	
			375					380					385			

aag aag ctg gat gag gca gtg gct gaa gcc cac ctg ggc aag ctg aat	1256
Lys Lys Leu Asp Glu Ala Val Ala Glu Ala His Leu Gly Lys Leu Asn	
390 395 400	
gtg aag ttg acc aag cta act gag aag caa gcc cag tac ctg ggc atg	1304
Val Lys Leu Thr Lys Leu Thr Glu Lys Gln Ala Gln Tyr Leu Gly Met	
405 410 415	
tcc tgt gat ggc ccc ttc aag ccg gat cac tac cgc tac tga	1346
Ser Cys Asp Gly Pro Phe Lys Pro Asp His Tyr Arg Tyr	
420 425 430	
gagccagggtc tgcgttttcac cctccagctg ctgtccttgc ccaggcccca cctctctctcc	1406
ctaagagcta atggcaccaa ctttgtgact ggttttgtcag tgtcccccatt cgactctctg	1466
gggctgatca cttagttttt ggccctctgct gcagccggtca tactgttcca aatgtggcag	1526
cgggaacaga gtaccctctt caagccccgg tcatgatgga ggtcccagcc acagggaacc	1586
atgagctcag tggctcttga acagctcact aagtcagtc ttccttagcc tggaagccag	1646
tagtggagtc acaaagccca tgtgtttttgc catctaggcc ttcacctgggt ctgtggactt	1706
ataacctgtgt gcttggttta cagggtccagt ggttcttcag cccatgacag atgagaaggg	1766
gctatatattga agggcacaaga ggaactgttg tttgaatttt cctgagagcc tggcttagtg	1826
ctggggccttc tcttaaacct cattacaatg aggttagtac ttttagtccc tgttttacag	1886
gggttagaat agactgttaa ggggcaactg agaaagaaca gagaagtgac agctaggggt	1946
tgagagggggc cagaaaaaca tgaatgcagg cagatttcgt gaaatctgcc accactttat	2006
aaccagatgg ttcctttcac aaccctgggt caaaaagaga ataatttggc ctataatgtt	2066
aaaagaaagc aggaagggtgg gtaaataaaa atcttggtgc ctgg	2110

<210> 32
 <211> 432
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 32

Met Ser Asp Lys Leu Pro Tyr Lys Val Ala Asp Ile Gly Leu Ala Ala
1 5 10 15

Trp Gly Arg Lys Ala Leu Asp Ile Ala Glu Asn Glu Met Pro Gly Leu
20 25 30

Met Arg Met Arg Glu Arg Tyr Ser Ala Ser Lys Pro Leu Lys Gly Ala
35 40 45

Arg Ile Ala Gly Cys Leu His Met Thr Val Glu Thr Ala Val Leu Ile
50 55 60

Glu Thr Leu Val Thr Leu Gly Ala Glu Val Gln Trp Ser Ser Cys Asn
65 70 75 80

Ile Phe Ser Thr Gln Asp His Ala Ala Ala Ala Ile Ala Lys Ala Gly
85 90 95

Ile Pro Val Tyr Ala Trp Lys Gly Glu Thr Asp Glu Glu Tyr Leu Trp
100 105 110

Cys Ile Glu Gln Thr Leu Tyr Phe Lys Asp Gly Pro Leu Asn Met Ile
115 120 125

Leu Asp Asp Gly Gly Asp Leu Thr Asn Leu Ile His Thr Lys Tyr Pro
130 135 140

Gln Leu Leu Pro Gly Ile Arg Gly Ile Ser Glu Glu Thr Thr Thr Gly
145 150 155 160

Val His Asn Leu Tyr Lys Met Met Ala Asn Gly Ile Leu Lys Val Pro
165 170 175

Ala Ile Asn Val Asn Asp Ser Val Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Leu
180 185 190

Tyr Gly Cys Arg Glu Ser Leu Ile Asp Gly Ile Lys Arg Ala Thr Asp
195 200 205

Val Met Ile Ala Gly Lys Val Ala Val Val Ala Gly Tyr Gly Asp Val

210

215

220

Gly	Lys	Gly	Cys	Ala	Gln	Ala	Leu	Arg	Gly	Phe	Gly	Ala	Arg	Val	Ile
225					230					235					240

Ile	Thr	Glu	Ile	Asp	Pro	Ile	Asn	Ala	Leu	Gln	Ala	Ala	Met	Glu	Gly
				245					250					255	

Tyr	Glu	Val	Thr	Thr	Met	Asp	Glu	Ala	Cys	Gln	Glu	Gly	Asn	Ile	Phe
			260					265					270		

Val	Thr	Thr	Thr	Gly	Cys	Ile	Asp	Ile	Ile	Leu	Gly	Arg	His	Phe	Glu
		275					280					285			

Gln	Met	Lys	Asp	Asp	Ala	Ile	Val	Cys	Asn	Ile	Gly	His	Phe	Asp	Val
	290					295					300				

Glu	Ile	Asp	Val	Lys	Trp	Leu	Asn	Glu	Asn	Ala	Val	Glu	Lys	Val	Asn
305					310					315					320

Ile	Lys	Pro	Gln	Val	Asp	Arg	Tyr	Arg	Leu	Lys	Asn	Gly	Arg	Arg	Ile
			325						330					335	

Ile	Leu	Leu	Ala	Glu	Gly	Arg	Leu	Val	Asn	Leu	Gly	Cys	Ala	Met	Gly
			340					345					350		

His	Pro	Ser	Phe	Val	Met	Ser	Asn	Ser	Phe	Thr	Asn	Gln	Val	Met	Ala
		355					360					365			

Gln	Ile	Glu	Leu	Trp	Thr	His	Pro	Asp	Lys	Tyr	Pro	Val	Gly	Val	His
	370					375					380				

Phe	Leu	Pro	Lys	Lys	Leu	Asp	Glu	Ala	Val	Ala	Glu	Ala	His	Leu	Gly
385					390					395					400

Lys	Leu	Asn	Val	Lys	Leu	Thr	Lys	Leu	Thr	Glu	Lys	Gln	Ala	Gln	Tyr
				405					410					415	

Leu Gly Met Ser Cys Asp Gly Pro Phe Lys Pro Asp His Tyr Arg Tyr
 420 425 430

<210> 33
 <211> 1698
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (191)..(1309)
 <223>

<400> 33
 cccggccctc cctgcacggc ctcccgtgcg cccctgtcag actgtggcgg ccggtcgcgc 60
 ggtgcgctct cctccctgc ccgcagcctg gagaggcgct tcgtgctgca ccccccgcg 120
 ttectgccgg caccggccct gccctctgcc gcgctccgcc ctgccgccga ccgcacggcc 180
 gccgcgggac atg gca cac gca ccg gca cgc tgc ccc agc gcc cgg ggc 229
 Met Ala His Ala Pro Ala Arg Cys Pro Ser Ala Arg Gly
 1 5 10
 tcc ggg gac ggc gag atg ggc aag ccc agg aac gtg gcg ctc atc acc 277
 Ser Gly Asp Gly Glu Met Gly Lys Pro Arg Asn Val Ala Leu Ile Thr
 15 20 25
 ggt atc aca ggc cag gat ggt tcc tac ctg gct gag ttc ctg ctg gag 325
 Gly Ile Thr Gly Gln Asp Gly Ser Tyr Leu Ala Glu Phe Leu Leu Glu
 30 35 40 45
 aaa ggc tat gag gtc cat gga att gta cgg cgg tcc agt tca ttt aat 373
 Lys Gly Tyr Glu Val His Gly Ile Val Arg Arg Ser Ser Ser Phe Asn
 50 55 60
 acg ggt cga att gag cat ctg tat aag aat ccc cag gct cac att gaa 421
 Thr Gly Arg Ile Glu His Leu Tyr Lys Asn Pro Gln Ala His Ile Glu
 65 70 75
 gga aac atg aag ttg cac tat ggc gat ctc act gac agt acc tgc ctt 469
 Gly Asn Met Lys Leu His Tyr Gly Asp Leu Thr Asp Ser Thr Cys Leu
 80 85 90
 gtg aag atc att aat gaa gta aag ccc aca gag atc tac aac ctt gga 517
 Val Lys Ile Ile Asn Glu Val Lys Pro Thr Glu Ile Tyr Asn Leu Gly
 95 100 105

gcc	cag	agc	cac	gtc	aaa	att	tcc	ttt	gac	ctc	gct	gag	tac	act	gcg	565
Ala	Gln	Ser	His	Val	Lys	Ile	Ser	Phe	Asp	Leu	Ala	Glu	Tyr	Thr	Ala	
110					115					120					125	
gac	gtt	gac	gga	gtt	ggc	act	cta	cga	ctt	cta	gat	gca	gtt	aag	act	613
Asp	Val	Asp	Gly	Val	Gly	Thr	Leu	Arg	Leu	Leu	Asp	Ala	Val	Lys	Thr	
				130					135					140		
tgt	ggc	ctt	atc	aac	tct	gtg	aag	ttc	tac	caa	gcc	tca	aca	agt	gaa	661
Cys	Gly	Leu	Ile	Asn	Ser	Val	Lys	Phe	Tyr	Gln	Ala	Ser	Thr	Ser	Glu	
			145					150					155			
ctt	tat	ggg	aaa	gtg	cag	gaa	ata	ccc	cag	aag	gag	acc	acc	cct	ttc	709
Leu	Tyr	Gly	Lys	Val	Gln	Glu	Ile	Pro	Gln	Lys	Glu	Thr	Thr	Pro	Phe	
		160					165					170				
tat	ccc	cgg	tca	ccc	tat	ggg	gca	gca	aaa	ctc	tat	gcc	tat	tgg	att	757
Tyr	Pro	Arg	Ser	Pro	Tyr	Gly	Ala	Ala	Lys	Leu	Tyr	Ala	Tyr	Trp	Ile	
	175					180					185					
gtg	gtg	aac	ttc	cgt	gag	gcg	tat	aat	ctc	ttt	gca	gtg	aac	ggc	att	805
Val	Val	Asn	Phe	Arg	Glu	Ala	Tyr	Asn	Leu	Phe	Ala	Val	Asn	Gly	Ile	
190					195					200					205	
ctc	ttc	aat	cat	gag	agt	ccc	aga	aga	gga	gct	aat	ttc	gtt	act	cga	853
Leu	Phe	Asn	His	Glu	Ser	Pro	Arg	Arg	Gly	Ala	Asn	Phe	Val	Thr	Arg	
				210					215					220		
aaa	att	agc	cgg	tca	gta	gct	aag	att	tac	ctt	gga	caa	ctg	gaa	tgt	901
Lys	Ile	Ser	Arg	Ser	Val	Ala	Lys	Ile	Tyr	Leu	Gly	Gln	Leu	Glu	Cys	
			225					230					235			
ttc	agt	ttg	gga	aat	ctg	gat	gcc	aaa	cga	gat	tgg	ggc	cat	gcc	aag	949
Phe	Ser	Leu	Gly	Asn	Leu	Asp	Ala	Lys	Arg	Asp	Trp	Gly	His	Ala	Lys	
		240					245					250				
gac	tat	gtg	gag	gct	atg	tgg	ttg	atg	ttg	cag	aat	gat	gag	ccg	gag	997
Asp	Tyr	Val	Glu	Ala	Met	Trp	Leu	Met	Leu	Gln	Asn	Asp	Glu	Pro	Glu	
	255					260					265					
gac	ttc	gtt	ata	gct	act	ggg	gag	gtc	cat	agt	gtc	cgg	gaa	ttt	gtc	1045
Asp	Phe	Val	Ile	Ala	Thr	Gly	Glu	Val	His	Ser	Val	Arg	Glu	Phe	Val	
270					275					280					285	
gag	aaa	tca	ttc	ttg	cac	att	gga	aaa	acc	att	gtg	tgg	gaa	gga	aag	1093
Glu	Lys	Ser	Phe	Leu	His	Ile	Gly	Lys	Thr	Ile	Val	Trp	Glu	Gly	Lys	
				290					295					300		
aat	gaa	aat	gaa	gtg	ggc	aga	tgt	aaa	gag	acc	ggc	aaa	gtt	cac	gtg	1141
Asn	Glu	Asn	Glu	Val	Gly	Arg	Cys	Lys	Glu	Thr	Gly	Lys	Val	His	Val	

305

310

315

act gtg gat ctc aag tac tac cgg cca act gaa gtg gac ttt ctg cag 1189
 Thr Val Asp Leu Lys Tyr Tyr Arg Pro Thr Glu Val Asp Phe Leu Gln
 320 325 330

ggc gac tgc acc aaa gcg aaa cag aag ctg aac tgg aag ccc cgg gtc 1237
 Gly Asp Cys Thr Lys Ala Lys Gln Lys Leu Asn Trp Lys Pro Arg Val
 335 340 345

gct ttc gat gag ctg gtg agg gag atg gtg cac gcc gac gtg gag ctc 1285
 Ala Phe Asp Glu Leu Val Arg Glu Met Val His Ala Asp Val Glu Leu
 350 355 360 365

atg agg aca aac ccc aat gcc tga gcagcgcctc ggagcccgcc ccgcccctccg 1339
 Met Arg Thr Asn Pro Asn Ala
 370

gctacaatcc ccgcagagtc tccgggtgcag acgcgctgcg gggatgggga gcggcggtgcc 1399

aatctgcggg tcccctgcgg cccctgctgc cgctgcgctg tcccggccgc aagagcgggg 1459

ccgccccgcc gaggtttgta gcagccggga tgtgaccctc cagggttttg gtcgctttgc 1519

gtttgtcgaa gcctcctctg aatggctttg tgaaatcaag atgttttaac cacattcact 1579

ttacttgaaa ttatgttggt acacaacaaa ttgtggggcc ttcaaattgt ttttctcttt 1639

tcataattaaa aatggctctt ctgtgaacta gcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1698

<210> 34

<211> 372

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 34

Met Ala His Ala Pro Ala Arg Cys Pro Ser Ala Arg Gly Ser Gly Asp
 1 5 10 15

Gly Glu Met Gly Lys Pro Arg Asn Val Ala Leu Ile Thr Gly Ile Thr
 20 25 30

Gly Gln Asp Gly Ser Tyr Leu Ala Glu Phe Leu Leu Glu Lys Gly Tyr
 35 40 45

Glu Val His Gly Ile Val Arg Arg Ser Ser Ser Phe Asn Thr Gly Arg
50 55 60

Ile Glu His Leu Tyr Lys Asn Pro Gln Ala His Ile Glu Gly Asn Met
65 70 75 80

Lys Leu His Tyr Gly Asp Leu Thr Asp Ser Thr Cys Leu Val Lys Ile
85 90 95

Ile Asn Glu Val Lys Pro Thr Glu Ile Tyr Asn Leu Gly Ala Gln Ser
100 105 110

His Val Lys Ile Ser Phe Asp Leu Ala Glu Tyr Thr Ala Asp Val Asp
115 120 125

Gly Val Gly Thr Leu Arg Leu Leu Asp Ala Val Lys Thr Cys Gly Leu
130 135 140

Ile Asn Ser Val Lys Phe Tyr Gln Ala Ser Thr Ser Glu Leu Tyr Gly
145 150 155 160

Lys Val Gln Glu Ile Pro Gln Lys Glu Thr Thr Pro Phe Tyr Pro Arg
165 170 175

Ser Pro Tyr Gly Ala Ala Lys Leu Tyr Ala Tyr Trp Ile Val Val Asn
180 185 190

Phe Arg Glu Ala Tyr Asn Leu Phe Ala Val Asn Gly Ile Leu Phe Asn
195 200 205

His Glu Ser Pro Arg Arg Gly Ala Asn Phe Val Thr Arg Lys Ile Ser
210 215 220

Arg Ser Val Ala Lys Ile Tyr Leu Gly Gln Leu Glu Cys Phe Ser Leu
225 230 235 240

Gly Asn Leu Asp Ala Lys Arg Asp Trp Gly His Ala Lys Asp Tyr Val
245 250 255

Glu Ala Met Trp Leu Met Leu Gln Asn Asp Glu Pro Glu Asp Phe Val
260 265 270

Ile Ala Thr Gly Glu Val His Ser Val Arg Glu Phe Val Glu Lys Ser
275 280 285

Phe Leu His Ile Gly Lys Thr Ile Val Trp Glu Gly Lys Asn Glu Asn
290 295 300

Glu Val Gly Arg Cys Lys Glu Thr Gly Lys Val His Val Thr Val Asp
305 310 315 320

Leu Lys Tyr Tyr Arg Pro Thr Glu Val Asp Phe Leu Gln Gly Asp Cys
325 330 335

Thr Lys Ala Lys Gln Lys Leu Asn Trp Lys Pro Arg Val Ala Phe Asp
340 345 350

Glu Leu Val Arg Glu Met Val His Ala Asp Val Glu Leu Met Arg Thr
355 360 365

Asn Pro Asn Ala
370

<210> 35
<211> 2963
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (26)..(2317)
<223>

<400> 35
ccactgctgt cctcttcagc tcaag atg gtg gcc tgc cgg gcg att ggc atc 52
Met Val Ala Cys Arg Ala Ile Gly Ile
1 5

ctc agc cgc ttt tct gcc ttc agg atc ctc cgc tcc cga ggt tat ata 100

Leu	Ser	Arg	Phe	Ser	Ala	Phe	Arg	Ile	Leu	Arg	Ser	Arg	Gly	Tyr	Ile	
10					15					20					25	
tgc	cgc	aat	ttt	aca	ggg	tct	tct	gct	ttg	ctg	acc	aga	acc	cat	att	148
Cys	Arg	Asn	Phe	Thr	Gly	Ser	Ser	Ala	Leu	Leu	Thr	Arg	Thr	His	Ile	
				30					35					40		
aac	tat	gga	gtc	aaa	ggg	gat	gtg	gca	gtt	gtt	cga	att	aac	tct	ccc	196
Asn	Tyr	Gly	Val	Lys	Gly	Asp	Val	Ala	Val	Val	Arg	Ile	Asn	Ser	Pro	
			45					50					55			
aat	tca	aag	gta	aat	aca	ctg	agt	aaa	gag	cta	cat	tca	gag	ttc	tca	244
Asn	Ser	Lys	Val	Asn	Thr	Leu	Ser	Lys	Glu	Leu	His	Ser	Glu	Phe	Ser	
		60					65					70				
gaa	gtt	atg	aat	gaa	atc	tgg	gct	agt	gat	caa	atc	aga	agt	gcc	gtc	292
Glu	Val	Met	Asn	Glu	Ile	Trp	Ala	Ser	Asp	Gln	Ile	Arg	Ser	Ala	Val	
	75					80					85					
ctt	atc	tca	tca	aag	cca	ggc	tgc	ttt	att	gca	ggg	gct	gat	atc	aac	340
Leu	Ile	Ser	Ser	Lys	Pro	Gly	Cys	Phe	Ile	Ala	Gly	Ala	Asp	Ile	Asn	
90					95					100					105	
atg	tta	gcc	gct	tgc	aag	acc	ctt	caa	gaa	gta	aca	cag	cta	tca	caa	388
Met	Leu	Ala	Ala	Cys	Lys	Thr	Leu	Gln	Glu	Val	Thr	Gln	Leu	Ser	Gln	
				110					115					120		
gaa	gca	cag	aga	ata	gtt	gag	aaa	ctt	gaa	aag	tcc	aca	aag	cct	att	436
Glu	Ala	Gln	Arg	Ile	Val	Glu	Lys	Leu	Glu	Lys	Ser	Thr	Lys	Pro	Ile	
			125					130					135			
gtg	gct	gcc	atc	aat	gga	tcc	tgc	ctg	gga	gga	gga	ctt	gag	gtt	gcc	484
Val	Ala	Ala	Ile	Asn	Gly	Ser	Cys	Leu	Gly	Gly	Gly	Leu	Glu	Val	Ala	
		140					145					150				
att	tca	tgc	caa	tac	aga	ata	gca	aca	aaa	gac	aga	aaa	aca	gta	tta	532
Ile	Ser	Cys	Gln	Tyr	Arg	Ile	Ala	Thr	Lys	Asp	Arg	Lys	Thr	Val	Leu	
	155					160					165					
ggg	acc	cct	gaa	gtt	ttg	ctg	ggg	gcc	tta	cca	gga	gca	gga	ggc	aca	580
Gly	Thr	Pro	Glu	Val	Leu	Leu	Gly	Ala	Leu	Pro	Gly	Ala	Gly	Gly	Thr	
170					175					180					185	
caa	agg	ctg	ccc	aaa	atg	gtg	ggg	gtg	cct	gct	gct	ttg	gac	atg	atg	628
Gln	Arg	Leu	Pro	Lys	Met	Val	Gly	Val	Pro	Ala	Ala	Leu	Asp	Met	Met	
				190					195					200		
ctg	act	ggg	aga	agc	att	cgt	gca	gac	agg	gca	aag	aaa	atg	gga	ctg	676
Leu	Thr	Gly	Arg	Ser	Ile	Arg	Ala	Asp	Arg	Ala	Lys	Lys	Met	Gly	Leu	
			205					210					215			

gtt gac caa ctg gtg gaa ccc ctg gga cca gga cta aaa cct cca gag	724
Val Asp Gln Leu Val Glu Pro Leu Gly Pro Gly Leu Lys Pro Pro Glu	
220 225 230	
gaa cgg aca ata gaa tac cta gaa gaa gtt gca att act ttt gcc aaa	772
Glu Arg Thr Ile Glu Tyr Leu Glu Glu Val Ala Ile Thr Phe Ala Lys	
235 240 245	
gga cta gct gat aag aag atc tct cca aag aga gac aag gga ttg gtg	820
Gly Leu Ala Asp Lys Lys Ile Ser Pro Lys Arg Asp Lys Gly Leu Val	
250 255 260 265	
gaa aaa ttg aca gcg tat gcc atg act att cca ttt gtc agg caa cag	868
Glu Lys Leu Thr Ala Tyr Ala Met Thr Ile Pro Phe Val Arg Gln Gln	
270 275 280	
gtt tac aaa aaa gtg gaa gaa aaa gtg cga aag cag act aaa ggc ctt	916
Val Tyr Lys Lys Val Glu Glu Lys Val Arg Lys Gln Thr Lys Gly Leu	
285 290 295	
tat cct gca cct ctg aaa ata att gat gtg gta aag act gga att gag	964
Tyr Pro Ala Pro Leu Lys Ile Ile Asp Val Val Lys Thr Gly Ile Glu	
300 305 310	
caa ggg agt gat gcc ggt tat ctc tgt gaa tct cag aaa ttt gga gag	1012
Gln Gly Ser Asp Ala Gly Tyr Leu Cys Glu Ser Gln Lys Phe Gly Glu	
315 320 325	
ctt gta atg acc aaa gaa tca aag gcc ttg atg gga ctc tac cat ggt	1060
Leu Val Met Thr Lys Glu Ser Lys Ala Leu Met Gly Leu Tyr His Gly	
330 335 340 345	
cag gtc ctg tgc aag aag aat aaa ttt gga gct cca cag aag gat gtt	1108
Gln Val Leu Cys Lys Lys Asn Lys Phe Gly Ala Pro Gln Lys Asp Val	
350 355 360	
aag cat ctg gct att ctt ggt gca ggg ctg atg gga gca ggc atc gcc	1156
Lys His Leu Ala Ile Leu Gly Ala Gly Leu Met Gly Ala Gly Ile Ala	
365 370 375	
caa gtc tcc gtg gat aag ggg cta aag act ata ctt aaa gat gcc acc	1204
Gln Val Ser Val Asp Lys Gly Leu Lys Thr Ile Leu Lys Asp Ala Thr	
380 385 390	
ctc act gcg cta gac cga gga cag caa caa gtg ttc aaa gga ttg aat	1252
Leu Thr Ala Leu Asp Arg Gly Gln Gln Gln Val Phe Lys Gly Leu Asn	
395 400 405	
gac aaa gtg aag aag aaa gct cta aca tca ttt gaa agg gat tcc atc	1300

Asp	Lys	Val	Lys	Lys	Lys	Ala	Leu	Thr	Ser	Phe	Glu	Arg	Asp	Ser	Ile	
410					415					420					425	
t t c	a g c	a a c	t t g	a c t	g g g	c a g	c t t	g a t	t a c	c a a	g g t	t t t	g a a	a a g	g c c	1348
Phe	Ser	Asn	Leu	Thr	Gly	Gln	Leu	Asp	Tyr	Gln	Gly	Phe	Glu	Lys	Ala	
			430					435						440		
g a c	a t g	g t g	a t t	g a a	g c t	g t g	t t t	g a g	g a c	c t t	a g t	c t t	a a g	c a c	a g a	1396
Asp	Met	Val	Ile	Glu	Ala	Val	Phe	Glu	Asp	Leu	Ser	Leu	Lys	His	Arg	
			445					450					455			
g t g	c t a	a a g	g a a	g t a	g a a	g c g	g t g	a t t	c c a	g a t	c a c	t g t	a t c	t t t	g c c	1444
Val	Leu	Lys	Glu	Val	Glu	Ala	Val	Ile	Pro	Asp	His	Cys	Ile	Phe	Ala	
		460					465					470				
a g t	a a c	a c a	t c t	g c t	c t c	c c a	a t c	a g t	g a a	a t c	g c t	g c t	g t c	a g c	a a a	1492
Ser	Asn	Thr	Ser	Ala	Leu	Pro	Ile	Ser	Glu	Ile	Ala	Ala	Val	Ser	Lys	
	475					480					485					
a g a	c c t	g a g	a a g	g t g	a t t	g g c	a t g	c a c	t a c	t t c	t c t	c c c	g t g	g a c	a a g	1540
Arg	Pro	Glu	Lys	Val	Ile	Gly	Met	His	Tyr	Phe	Ser	Pro	Val	Asp	Lys	
490					495					500					505	
a t g	c a g	c t g	c t g	g a g	a t t	a t c	a c g	a c c	g a g	a a a	a c t	t c c	a a a	g a c	a c c	1588
Met	Gln	Leu	Leu	Glu	Ile	Ile	Thr	Thr	Glu	Lys	Thr	Ser	Lys	Asp	Thr	
				510					515					520		
a g t	g c t	t c a	g c t	g t a	g c a	g t t	g g t	c t c	a a g	c a g	g g g	a a g	g t c	a t c	a t t	1636
Ser	Ala	Ser	Ala	Val	Ala	Val	Gly	Leu	Lys	Gln	Gly	Lys	Val	Ile	Ile	
			525					530					535			
g t g	g t t	a a g	g a t	g g a	c c t	g g c	t t c	t a t	a c t	a c c	a g g	t g t	c t t	g c g	c c c	1684
Val	Val	Lys	Asp	Gly	Pro	Gly	Phe	Tyr	Thr	Thr	Arg	Cys	Leu	Ala	Pro	
		540					545					550				
a t g	a t g	t c t	g a a	g t c	a t c	c g a	a t c	c t c	c a g	g a a	g g a	g t t	g a c	c c g	a a g	1732
Met	Met	Ser	Glu	Val	Ile	Arg	Ile	Leu	Gln	Glu	Gly	Val	Asp	Pro	Lys	
	555					560					565					
a a g	c t g	g a t	t c c	c t g	a c c	a c a	a g c	t t t	g g c	t t t	c c t	g t g	g g t	g c c	g c c	1780
Lys	Leu	Asp	Ser	Leu	Thr	Thr	Ser	Phe	Gly	Phe	Pro	Val	Gly	Ala	Ala	
570					575					580					585	
a c a	c t g	g t g	g a t	g a a	g t t	g g t	g t g	g a t	g t a	g c g	a a a	c a t	g t g	g c g	g a a	1828
Thr	Leu	Val	Asp	Glu	Val	Gly	Val	Asp	Val	Ala	Lys	His	Val	Ala	Glu	
				590					595					600		
g a t	c t g	g g c	a a a	g t c	t t t	g g g	g a g	c g g	t t t	g g a	g g t	g g a	a a c	c c a	g a a	1876
Asp	Leu	Gly	Lys	Val	Phe	Gly	Glu	Arg	Phe	Gly	Gly	Gly	Asn	Pro	Glu	
			605					610					615			

ctg ctg aca cag atg gtg tcc aag ggc ttc cta ggt cgt aaa tct ggg	1924
Leu Leu Thr Gln Met Val Ser Lys Gly Phe Leu Gly Arg Lys Ser Gly	
620 625 630	
aag ggc ttt tac atc tat cag gag ggt gtg aag agg aag gat ttg aat	1972
Lys Gly Phe Tyr Ile Tyr Gln Glu Gly Val Lys Arg Lys Asp Leu Asn	
635 640 645	
tct gac atg gat agt att tta gcg agt ctg aag ctg cct cct aag tct	2020
Ser Asp Met Asp Ser Ile Leu Ala Ser Leu Lys Leu Pro Pro Lys Ser	
650 655 660 665	
gaa gtc tca tca gac gaa gac atc cag ttc cgc ctg gtg aca aga ttt	2068
Glu Val Ser Ser Asp Glu Asp Ile Gln Phe Arg Leu Val Thr Arg Phe	
670 675 680	
gtg aat gag gca gtc atg tgc ctg caa gag ggg atc ttg gcc aca cct	2116
Val Asn Glu Ala Val Met Cys Leu Gln Glu Gly Ile Leu Ala Thr Pro	
685 690 695	
gca gag gga gac atc gga gcc gtc ttt ggg ctt ggc ttc ccg cct tgt	2164
Ala Glu Gly Asp Ile Gly Ala Val Phe Gly Leu Gly Phe Pro Pro Cys	
700 705 710	
ctg gga ggg cct ttc cgc ttt gtg gat ctg tat ggc gcc cag aag ata	2212
Leu Gly Gly Pro Phe Arg Phe Val Asp Leu Tyr Gly Ala Gln Lys Ile	
715 720 725	
gtg gac cgg ctc aag aaa tat gaa gct gcc tat gga aaa cag ttc acc	2260
Val Asp Arg Leu Lys Lys Tyr Glu Ala Ala Tyr Gly Lys Gln Phe Thr	
730 735 740 745	
cca tgc cag ctg cta gct gac cat gct aac agc cct aac aag aag ttc	2308
Pro Cys Gln Leu Leu Ala Asp His Ala Asn Ser Pro Asn Lys Lys Phe	
750 755 760	
tac cag tga gcaggcctca tgcctcgcctc agtcagtgca ctaaccccag	2357
Tyr Gln	
ctgccggcag tgctggttct ccaacagagt ggtgtctaga tttatcagag taacgagaag	2417
acaaactccg gcactggggtt tgctccctga tttaaagtgcc ttcagccaag accatctctc	2477
cctcctgggtg aagtgtgact tcgaattagt ttgcacttcc tattggaagg tagagcccac	2537
tgctcattgt ataagccccg aggcctagag tggcagccaa gagccatctg aagccacctc	2597
tctgcctgtt cctcccaaga ggccaggggtg gccaggggtg gtgagggcag ttctgcaccc	2657

```

agccaaacac ataacaataa aaaccaaact ctgtgtcagc atctttgccc ttctgggttta 2717
aagcctcct tcaaaaagca atctggaaga aagccctgtg ctttggggga gtaagaatgt 2777
gtgtgcagaa ttctaggcag caccttaggg agggactggg atgagagaaa gtgggacctg 2837
gtgggctcaa ccacacacac ctgtctgtgc agatgctttg cccaggcttc tcaccacggg 2897
gtaccgggat attaaacctc ttccccagc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2957
aaaaaa 2963

```

```

<210> 36
<211> 763
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 36

```

```

Met Val Ala Cys Arg Ala Ile Gly Ile Leu Ser Arg Phe Ser Ala Phe
1          5          10          15

```

```

Arg Ile Leu Arg Ser Arg Gly Tyr Ile Cys Arg Asn Phe Thr Gly Ser
20          25          30

```

```

Ser Ala Leu Leu Thr Arg Thr His Ile Asn Tyr Gly Val Lys Gly Asp
35          40          45

```

```

Val Ala Val Val Arg Ile Asn Ser Pro Asn Ser Lys Val Asn Thr Leu
50          55          60

```

```

Ser Lys Glu Leu His Ser Glu Phe Ser Glu Val Met Asn Glu Ile Trp
65          70          75          80

```

```

Ala Ser Asp Gln Ile Arg Ser Ala Val Leu Ile Ser Ser Lys Pro Gly
85          90          95

```

```

Cys Phe Ile Ala Gly Ala Asp Ile Asn Met Leu Ala Ala Cys Lys Thr
100          105          110

```

```

Leu Gln Glu Val Thr Gln Leu Ser Gln Glu Ala Gln Arg Ile Val Glu

```

115

120

125

Lys Leu Glu Lys Ser Thr Lys Pro Ile Val Ala Ala Ile Asn Gly Ser
 130 135 140

Cys Leu Gly Gly Gly Leu Glu Val Ala Ile Ser Cys Gln Tyr Arg Ile
 145 150 155 160

Ala Thr Lys Asp Arg Lys Thr Val Leu Gly Thr Pro Glu Val Leu Leu
 165 170 175

Gly Ala Leu Pro Gly Ala Gly Gly Thr Gln Arg Leu Pro Lys Met Val
 180 185 190

Gly Val Pro Ala Ala Leu Asp Met Met Leu Thr Gly Arg Ser Ile Arg
 195 200 205

Ala Asp Arg Ala Lys Lys Met Gly Leu Val Asp Gln Leu Val Glu Pro
 210 215 220

Leu Gly Pro Gly Leu Lys Pro Pro Glu Glu Arg Thr Ile Glu Tyr Leu
 225 230 235 240

Glu Glu Val Ala Ile Thr Phe Ala Lys Gly Leu Ala Asp Lys Lys Ile
 245 250 255

Ser Pro Lys Arg Asp Lys Gly Leu Val Glu Lys Leu Thr Ala Tyr Ala
 260 265 270

Met Thr Ile Pro Phe Val Arg Gln Gln Val Tyr Lys Lys Val Glu Glu
 275 280 285

Lys Val Arg Lys Gln Thr Lys Gly Leu Tyr Pro Ala Pro Leu Lys Ile
 290 295 300

Ile Asp Val Val Lys Thr Gly Ile Glu Gln Gly Ser Asp Ala Gly Tyr
 305 310 315 320

Leu Cys Glu Ser Gln Lys Phe Gly Glu Leu Val Met Thr Lys Glu Ser
325 330 335

Lys Ala Leu Met Gly Leu Tyr His Gly Gln Val Leu Cys Lys Lys Asn
340 345 350

Lys Phe Gly Ala Pro Gln Lys Asp Val Lys His Leu Ala Ile Leu Gly
355 360 365

Ala Gly Leu Met Gly Ala Gly Ile Ala Gln Val Ser Val Asp Lys Gly
370 375 380

Leu Lys Thr Ile Leu Lys Asp Ala Thr Leu Thr Ala Leu Asp Arg Gly
385 390 395 400

Gln Gln Gln Val Phe Lys Gly Leu Asn Asp Lys Val Lys Lys Lys Ala
405 410 415

Leu Thr Ser Phe Glu Arg Asp Ser Ile Phe Ser Asn Leu Thr Gly Gln
420 425 430

Leu Asp Tyr Gln Gly Phe Glu Lys Ala Asp Met Val Ile Glu Ala Val
435 440 445

Phe Glu Asp Leu Ser Leu Lys His Arg Val Leu Lys Glu Val Glu Ala
450 455 460

Val Ile Pro Asp His Cys Ile Phe Ala Ser Asn Thr Ser Ala Leu Pro
465 470 475 480

Ile Ser Glu Ile Ala Ala Val Ser Lys Arg Pro Glu Lys Val Ile Gly
485 490 495

Met His Tyr Phe Ser Pro Val Asp Lys Met Gln Leu Leu Glu Ile Ile
500 505 510

Thr Thr Glu Lys Thr Ser Lys Asp Thr Ser Ala Ser Ala Val Ala Val

515

520

525

Gly Leu Lys Gln Gly Lys Val Ile Ile Val Val Lys Asp Gly Pro Gly
 530 535 540

Phe Tyr Thr Thr Arg Cys Leu Ala Pro Met Met Ser Glu Val Ile Arg
 545 550 555 560

Ile Leu Gln Glu Gly Val Asp Pro Lys Lys Leu Asp Ser Leu Thr Thr
 565 570 575

Ser Phe Gly Phe Pro Val Gly Ala Ala Thr Leu Val Asp Glu Val Gly
 580 585 590

Val Asp Val Ala Lys His Val Ala Glu Asp Leu Gly Lys Val Phe Gly
 595 600 605

Glu Arg Phe Gly Gly Gly Asn Pro Glu Leu Leu Thr Gln Met Val Ser
 610 615 620

Lys Gly Phe Leu Gly Arg Lys Ser Gly Lys Gly Phe Tyr Ile Tyr Gln
 625 630 635 640

Glu Gly Val Lys Arg Lys Asp Leu Asn Ser Asp Met Asp Ser Ile Leu
 645 650 655

Ala Ser Leu Lys Leu Pro Pro Lys Ser Glu Val Ser Ser Asp Glu Asp
 660 665 670

Ile Gln Phe Arg Leu Val Thr Arg Phe Val Asn Glu Ala Val Met Cys
 675 680 685

Leu Gln Glu Gly Ile Leu Ala Thr Pro Ala Glu Gly Asp Ile Gly Ala
 690 695 700

Val Phe Gly Leu Gly Phe Pro Pro Cys Leu Gly Gly Pro Phe Arg Phe
 705 710 715 720

Val	Asp	Leu	Tyr	Gly	Ala	Gln	Lys	Ile	Val	Asp	Arg	Leu	Lys	Lys	Tyr
				725					730					735	

Glu	Ala	Ala	Tyr	Gly	Lys	Gln	Phe	Thr	Pro	Cys	Gln	Leu	Leu	Ala	Asp
			740					745					750		

His	Ala	Asn	Ser	Pro	Asn	Lys	Lys	Phe	Tyr	Gln
		755					760			

<210> 37
 <211> 2438
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (45)..(1571)
 <223>

<400>	37	
cccggcggcg	ccaaccgaag	cgccccgcct gatccgtgtc cgac atg ctg cgc cgc
		Met Leu Arg Arg
		1

gct ctg ctg tgc ctg gcc gtg gcc gcc ctg gtg cgc gcc gac gcc ccc	104
Ala Leu Leu Cys Leu Ala Val Ala Ala Leu Val Arg Ala Asp Ala Pro	
5	10
	15
	20

gag gag gag gac cac gtc ctg gtg ctg cgg aaa agc aac ttc gcg gag	152
Glu Glu Glu Asp His Val Leu Val Leu Arg Lys Ser Asn Phe Ala Glu	
	25
	30
	35

gcg ctg gcg gcc cac aag tac ctg ctg gtg gag ttc tat gcc cct tgg	200
Ala Leu Ala Ala His Lys Tyr Leu Leu Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp	
	40
	45
	50

tgt ggc cac tgc aag gct ctg gcc cct gag tat gcc aaa gcc gct ggg	248
Cys Gly His Cys Lys Ala Leu Ala Pro Glu Tyr Ala Lys Ala Ala Gly	
	55
	60
	65

aag ctg aag gca gaa ggt tcc gag atc agg ttg gcc aag gtg gac gcc	296
Lys Leu Lys Ala Glu Gly Ser Glu Ile Arg Leu Ala Lys Val Asp Ala	
	70
	75
	80

acg gag gag tct gac ctg gcc cag cag tac ggc gtg cgc gcc tat ccc	344
Thr Glu Glu Ser Asp Leu Ala Gln Gln Tyr Gly Val Arg Gly Tyr Pro	

85 90 95 100

acc atc aag ttc ttc agg aat gga gac acg gct tcc ccc aag gaa tat 392
 Thr Ile Lys Phe Phe Arg Asn Gly Asp Thr Ala Ser Pro Lys Glu Tyr
 105 110 115

aca gct ggc aga gag gct gat gac atc gtg aac tgg ctg aag aag cgc 440
 Thr Ala Gly Arg Glu Ala Asp Asp Ile Val Asn Trp Leu Lys Lys Arg
 120 125 130

acg ggc ccg gct gcc acc acc ctg cct gac ggc gca gct gca gag tcc 488
 Thr Gly Pro Ala Ala Thr Thr Leu Pro Asp Gly Ala Ala Ala Glu Ser
 135 140 145

ttg gtg gag tcc agc gag gtg gct gtc atc ggc ttc ttc aag gac gtg 536
 Leu Val Glu Ser Ser Glu Val Ala Val Ile Gly Phe Phe Lys Asp Val
 150 155 160

gag tcg gac tct gcc aag cag ttt ttg cag gca gca gag gcc atc gat 584
 Glu Ser Asp Ser Ala Lys Gln Phe Leu Gln Ala Ala Glu Ala Ile Asp
 165 170 175 180

gac ata cca ttt ggg atc act tcc aac agt gac gtg ttc tcc aaa tac 632
 Asp Ile Pro Phe Gly Ile Thr Ser Asn Ser Asp Val Phe Ser Lys Tyr
 185 190 195

cag ctc gac aaa gat ggg gtt gtc ctc ttt aag aag ttt gat gaa ggc 680
 Gln Leu Asp Lys Asp Gly Val Val Leu Phe Lys Lys Phe Asp Glu Gly
 200 205 210

cgg aac aac ttt gaa ggg gag gtc acc aag gag aac ctg ctg gac ttt 728
 Arg Asn Asn Phe Glu Gly Glu Val Thr Lys Glu Asn Leu Leu Asp Phe
 215 220 225

atc aaa cac aac cag ctg ccc ctt gtc atc gag ttc acc gag cag aca 776
 Ile Lys His Asn Gln Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe Thr Glu Gln Thr
 230 235 240

gcc ccg aag att ttt gga ggt gaa atc aag act cac atc ctg ctg ttc 824
 Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His Ile Leu Leu Phe
 245 250 255 260

ttg ccc aag agt gtg tct gac tat gac ggc aaa ctg agc aac ttc aaa 872
 Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys Leu Ser Asn Phe Lys
 265 270 275

aca gca gcc gag agc ttc aag ggc aag atc ctg ttc atc ttc atc gac 920
 Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe Ile Phe Ile Asp
 280 285 290

agc	gac	cac	acc	gac	aac	cag	cgc	atc	ctc	gag	ttc	ttt	ggc	ctg	aag	968
Ser	Asp	His	Thr	Asp	Asn	Gln	Arg	Ile	Leu	Glu	Phe	Phe	Gly	Leu	Lys	
		295					300					305				
aag	gaa	gag	tgc	ccg	gcc	gtg	cgc	ctc	atc	acc	ctg	gag	gag	gag	atg	1016
Lys	Glu	Glu	Cys	Pro	Ala	Val	Arg	Leu	Ile	Thr	Leu	Glu	Glu	Glu	Met	
	310					315					320					
acc	aag	tac	aag	ccc	gaa	tcg	gag	gag	ctg	acg	gca	gag	agg	atc	aca	1064
Thr	Lys	Tyr	Lys	Pro	Glu	Ser	Glu	Glu	Leu	Thr	Ala	Glu	Arg	Ile	Thr	
325					330					335					340	
gag	ttc	tgc	cac	cgc	ttc	ctg	gag	ggc	aaa	atc	aag	ccc	cac	ctg	atg	1112
Glu	Phe	Cys	His	Arg	Phe	Leu	Glu	Gly	Lys	Ile	Lys	Pro	His	Leu	Met	
				345					350					355		
agc	cag	gag	ctg	ccg	gag	gac	tgg	gac	aag	cag	cct	gtc	aag	gtg	ctt	1160
Ser	Gln	Glu	Leu	Pro	Glu	Asp	Trp	Asp	Lys	Gln	Pro	Val	Lys	Val	Leu	
			360					365					370			
gtt	ggg	aag	aac	ttt	gaa	gac	gtg	gct	ttt	gat	gag	aaa	aaa	aac	gtc	1208
Val	Gly	Lys	Asn	Phe	Glu	Asp	Val	Ala	Phe	Asp	Glu	Lys	Lys	Asn	Val	
		375					380					385				
ttt	gtg	gag	ttc	tat	gcc	cca	tgg	tgt	ggc	cac	tgc	aaa	cag	ttg	gct	1256
Phe	Val	Glu	Phe	Tyr	Ala	Pro	Trp	Cys	Gly	His	Cys	Lys	Gln	Leu	Ala	
	390					395					400					
ccc	att	tgg	gat	aaa	ctg	gga	gag	acg	tac	aag	gac	cat	gag	aac	atc	1304
Pro	Ile	Trp	Asp	Lys	Leu	Gly	Glu	Thr	Tyr	Lys	Asp	His	Glu	Asn	Ile	
405					410					415					420	
gtc	atc	gcc	aag	atg	gac	tcg	act	gcc	aac	gag	gtg	gag	gcc	gtc	aaa	1352
Val	Ile	Ala	Lys	Met	Asp	Ser	Thr	Ala	Asn	Glu	Val	Glu	Ala	Val	Lys	
				425					430					435		
gtg	cac	agc	ttc	ccc	aca	ctc	aag	ttc	ttt	cct	gcc	agt	gcc	gac	agg	1400
Val	His	Ser	Phe	Pro	Thr	Leu	Lys	Phe	Phe	Pro	Ala	Ser	Ala	Asp	Arg	
			440					445					450			
acg	gtc	att	gat	tac	aac	ggg	gaa	cgc	acg	ctg	gat	ggc	ttt	aag	aaa	1448
Thr	Val	Ile	Asp	Tyr	Asn	Gly	Glu	Arg	Thr	Leu	Asp	Gly	Phe	Lys	Lys	
		455					460					465				
ttc	ctg	gag	agc	ggc	ggc	cag	gat	ggg	gca	ggg	gat	gat	gac	gat	ctc	1496
Phe	Leu	Glu	Ser	Gly	Gly	Gln	Asp	Gly	Ala	Gly	Asp	Asp	Asp	Asp	Leu	
	470					475					480					
gag	gac	ctg	gaa	gaa	gca	gag	gag	cca	gac	atg	gag	gaa	gac	gat	gat	1544
Glu	Asp	Leu	Glu	Glu	Ala	Glu	Glu	Pro	Asp	Met	Glu	Glu	Asp	Asp	Asp	

485	490	495	500	
cag aaa gct gtg aaa gat gaa ctg taa tacgcaaagc cagacccggg				1591
Gln Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu				
	505			
cgctgccgag acccctcggg ggctgcacac ccagcagcag cgcacgcctc cgaagcctgc				1651
ggcctcgcctt gaaggagggc gtcgccggaa acccagggaa cctctctgaa gtgacacctc				1711
accctacac accgtccgtt ccccccgtc tcttccttct gcttttcggg ttttggaaag				1771
ggatccatct ccaggcagcc caccctgggtg gggcttgttt cctgaaacca tgatgtactt				1831
tttcatacat gagtctgtcc agagtgcctg ctaccgtgtt cggagtctcg ctgcctccct				1891
cccgccgggag gtttctcctc tttttgaaaa ttccgtctgt gggattttta gacatttttc				1951
gacatcaggg tatttgttcc accttggcca ggcctcctcg gagaagcctg tcccccggtg				2011
gggaggggacg gagccggact ggacatggtc actcagtacc gcctgcagtg tegccatgac				2071
tgatcatggc tcttgcatth ttgggtaaat ggagacttcc ggatcctgtc aggggtgtccc				2131
ccatgcctgg aagaggagct ggtggctgcc agccctgggg cccggcacag gcctgggcct				2191
tccccctccc tcaagccagg gctcctcctc ctgtcgtggg ctcatgtga ccactggcct				2251
ctctacagca cggcctgttg cctgttcaag gcagaaccac gacccttgac tcccgggtgg				2311
ggagggtggcc aaggatgctg gagctgaatc agacgctgac agttcttcag gcattttctat				2371
ttcacaatcg aattgaacac attggccaaa taaagttgaa attttaccac caaaaaaaaa				2431
aaaaaaaa				2438

<210> 38
 <211> 508
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 38

Met	Leu	Arg	Arg	Ala	Leu	Leu	Cys	Leu	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Val	Arg
1				5					10					15	

Ala	Asp	Ala	Pro	Glu	Glu	Glu	Asp	His	Val	Leu	Val	Leu	Arg	Lys	Ser
			20					25						30	

Asn	Phe	Ala	Glu	Ala	Leu	Ala	Ala	His	Lys	Tyr	Leu	Leu	Val	Glu	Phe			
		35					40					45						
Tyr	Ala	Pro	Trp	Cys	Gly	His	Cys	Lys	Ala	Leu	Ala	Pro	Glu	Tyr	Ala			
	50					55					60							
Lys	Ala	Ala	Gly	Lys	Leu	Lys	Ala	Glu	Gly	Ser	Glu	Ile	Arg	Leu	Ala			
65					70				75						80			
Lys	Val	Asp	Ala	Thr	Glu	Glu	Ser	Asp	Leu	Ala	Gln	Gln	Tyr	Gly	Val			
				85					90					95				
Arg	Gly	Tyr	Pro	Thr	Ile	Lys	Phe	Phe	Arg	Asn	Gly	Asp	Thr	Ala	Ser			
			100					105					110					
Pro	Lys	Glu	Tyr	Thr	Ala	Gly	Arg	Glu	Ala	Asp	Asp	Ile	Val	Asn	Trp			
		115					120					125						
Leu	Lys	Lys	Arg	Thr	Gly	Pro	Ala	Ala	Thr	Thr	Leu	Pro	Asp	Gly	Ala			
	130					135					140							
Ala	Ala	Glu	Ser	Leu	Val	Glu	Ser	Ser	Glu	Val	Ala	Val	Ile	Gly	Phe			
145					150					155					160			
Phe	Lys	Asp	Val	Glu	Ser	Asp	Ser	Ala	Lys	Gln	Phe	Leu	Gln	Ala	Ala			
				165					170					175				
Glu	Ala	Ile	Asp	Asp	Ile	Pro	Phe	Gly	Ile	Thr	Ser	Asn	Ser	Asp	Val			
			180					185					190					
Phe	Ser	Lys	Tyr	Gln	Leu	Asp	Lys	Asp	Gly	Val	Val	Leu	Phe	Lys	Lys			
		195					200					205						
Phe	Asp	Glu	Gly	Arg	Asn	Asn	Phe	Glu	Gly	Glu	Val	Thr	Lys	Glu	Asn			
	210					215					220							

Leu Leu Asp Phe Ile Lys His Asn Gln Leu Pro Leu Val Ile Glu Phe
225 230 235 240

Thr Glu Gln Thr Ala Pro Lys Ile Phe Gly Gly Glu Ile Lys Thr His
245 250 255

Ile Leu Leu Phe Leu Pro Lys Ser Val Ser Asp Tyr Asp Gly Lys Leu
260 265 270

Ser Asn Phe Lys Thr Ala Ala Glu Ser Phe Lys Gly Lys Ile Leu Phe
275 280 285

Ile Phe Ile Asp Ser Asp His Thr Asp Asn Gln Arg Ile Leu Glu Phe
290 295 300

Phe Gly Leu Lys Lys Glu Glu Cys Pro Ala Val Arg Leu Ile Thr Leu
305 310 315 320

Glu Glu Glu Met Thr Lys Tyr Lys Pro Glu Ser Glu Glu Leu Thr Ala
325 330 335

Glu Arg Ile Thr Glu Phe Cys His Arg Phe Leu Glu Gly Lys Ile Lys
340 345 350

Pro His Leu Met Ser Gln Glu Leu Pro Glu Asp Trp Asp Lys Gln Pro
355 360 365

Val Lys Val Leu Val Gly Lys Asn Phe Glu Asp Val Ala Phe Asp Glu
370 375 380

Lys Lys Asn Val Phe Val Glu Phe Tyr Ala Pro Trp Cys Gly His Cys
385 390 395 400

Lys Gln Leu Ala Pro Ile Trp Asp Lys Leu Gly Glu Thr Tyr Lys Asp
405 410 415

His Glu Asn Ile Val Ile Ala Lys Met Asp Ser Thr Ala Asn Glu Val
420 425 430

Glu Ala Val Lys Val His Ser Phe Pro Thr Leu Lys Phe Phe Pro Ala
435 440 445

Ser Ala Asp Arg Thr Val Ile Asp Tyr Asn Gly Glu Arg Thr Leu Asp
450 455 460

Gly Phe Lys Lys Phe Leu Glu Ser Gly Gly Gln Asp Gly Ala Gly Asp
465 470 475 480

Asp Asp Asp Leu Glu Asp Leu Glu Glu Ala Glu Glu Pro Asp Met Glu
485 490 495

Glu Asp Asp Asp Gln Lys Ala Val Lys Asp Glu Leu
500 505

<210> 39
<211> 959
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (120)..(764)
<223>

<400> 39
gcagtgaggagg cggcccaggc ccgccttcgc caggggtgtcg ccgctgtgcc gctagcgggtg 60

ccccgcctgc tgcggtggca ccagccagga ggcggagtgg aagtggccgt ggggcgggt 119

atg gga cta gct ggc gtg tgc gcc ctg aga cgc tca gcg ggc tat ata 167
Met Gly Leu Ala Gly Val Cys Ala Leu Arg Arg Ser Ala Gly Tyr Ile
1 5 10 15

ctc gtc ggt ggg gcc ggc ggt cag tct gcg gca gcg gca gca aga cgg 215
Leu Val Gly Gly Ala Gly Gly Gln Ser Ala Ala Ala Ala Ala Arg Arg
20 25 30

tgc agt gaa gga gag tgg gcg tct ggc ggg gtc cgc agt ttc agc aga 263
Cys Ser Glu Gly Glu Trp Ala Ser Gly Gly Val Arg Ser Phe Ser Arg
35 40 45

gcc gct gca gcc atg gcc cca atc aag gtg gga gat gcc atc cca gca 311

[illegible]

<210> 40
<211> 214
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 40

Met Gly Leu Ala Gly Val Cys Ala Leu Arg Arg Ser Ala Gly Tyr Ile
1 5 10 15

Leu Val Gly Gly Ala Gly Gly Gln Ser Ala Ala Ala Ala Ala Arg Arg
20 25 30

Cys Ser Glu Gly Glu Trp Ala Ser Gly Gly Val Arg Ser Phe Ser Arg
35 40 45

Ala Ala Ala Ala Met Ala Pro Ile Lys Val Gly Asp Ala Ile Pro Ala
50 55 60

Val Glu Val Phe Glu Gly Glu Pro Gly Asn Lys Val Asn Leu Ala Glu
65 70 75 80

Leu Phe Lys Gly Lys Lys Gly Val Leu Phe Gly Val Pro Gly Ala Phe
85 90 95

Thr Pro Gly Cys Ser Lys Thr His Leu Pro Gly Phe Val Glu Gln Ala
100 105 110

Glu Ala Leu Lys Ala Lys Gly Val Gln Val Val Ala Cys Leu Ser Val
115 120 125

Asn Asp Ala Phe Val Thr Gly Glu Trp Gly Arg Ala His Lys Ala Glu
130 135 140

Gly Lys Val Arg Leu Leu Ala Asp Pro Thr Gly Ala Phe Gly Lys Glu
145 150 155 160

Thr Asp Leu Leu Leu Asp Asp Ser Leu Val Ser Ile Phe Gly Asn Arg
165 170 175

Arg	Leu	Lys	Arg	Phe	Ser	Met	Val	Val	Gln	Asp	Gly	Ile	Val	Lys	Ala
			180					185					190		

Leu	Asn	Val	Glu	Pro	Asp	Gly	Thr	Gly	Leu	Thr	Cys	Ser	Leu	Ala	Pro
		195					200					205			

Asn	Ile	Ile	Ser	Gln	Leu
	210				

<210> 41
 <211> 1874
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (7).. (678)
 <223>

<400>	41	
ccggtg	atg gcg gct ggt gat ggg gac gtg aag cta ggc acc ctg ggg	48
	Met Ala Ala Gly Asp Gly Asp Val Lys Leu Gly Thr Leu Gly	
	1 5 10	

agt ggc agc gag agc agc aac gac ggc ggc agc gag agt cca ggc gac	96
Ser Gly Ser Glu Ser Ser Asn Asp Gly Gly Ser Glu Ser Pro Gly Asp	
15 20 25 30	

gcg gga gcg gca gcg gaa ggg gga ggc tgg gcg gcg gcg gcg ttg gcg	144
Ala Gly Ala Ala Ala Glu Gly Gly Gly Trp Ala Ala Ala Ala Leu Ala	
35 40 45	

ctt ctg acg ggg ggc ggg gaa atg ctg ctg aac gtg gcg ctg gtg gct	192
Leu Leu Thr Gly Gly Gly Glu Met Leu Leu Asn Val Ala Leu Val Ala	
50 55 60	

ctg gtg ctg ctg ggg gcc tac cgg ctg tgg gtg cgc tgg ggg cgg cgg	240
Leu Val Leu Leu Gly Ala Tyr Arg Leu Trp Val Arg Trp Gly Arg Arg	
65 70 75	

ggt ctg ggg gcc ggg gcc ggg gcg ggc gag gag agc ccc gcc acc tct	288
Gly Leu Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Glu Glu Ser Pro Ala Thr Ser	
80 85 90	

ctg cct cgc atg aag aag cgg gac ttc agc ttg gag cag ctg cgc cag	336
Leu Pro Arg Met Lys Lys Arg Asp Phe Ser Leu Glu Gln Leu Arg Gln	

95	100	105	110	
tac gac ggc tcc cgc aac ccg cgc atc ctg ctc gcg gtc aat ggg aaa				384
Tyr Asp Gly Ser Arg Asn Pro Arg Ile Leu Leu Ala Val Asn Gly Lys	115	120	125	
gtc ttc gac gtg acc aaa ggc agc aag ttc tac ggc ccg gcg ggt cca				432
Val Phe Asp Val Thr Lys Gly Ser Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Pro	130	135	140	
tat gga ata ttt gct ggt agg gat gcc tcc aga gga ctg gcc aca ttt				480
Tyr Gly Ile Phe Ala Gly Arg Asp Ala Ser Arg Gly Leu Ala Thr Phe	145	150	155	
tgc cta gat aaa gat gca ctt aga gat gaa tat gat gat ctc tca gat				528
Cys Leu Asp Lys Asp Ala Leu Arg Asp Glu Tyr Asp Asp Leu Ser Asp	160	165	170	
ttg aat gca gta caa atg gag agt gtt cga gaa tgg gaa atg cag ttt				576
Leu Asn Ala Val Gln Met Glu Ser Val Arg Glu Trp Glu Met Gln Phe	175	180	185	190
aaa gaa aaa tat gat tat gta ggc aga ctc cta aaa cca gga gaa gaa				624
Lys Glu Lys Tyr Asp Tyr Val Gly Arg Leu Leu Lys Pro Gly Glu Glu	195	200	205	
cca tca gaa tat aca gat gaa gaa gat acc aag gat cac aat aaa cag				672
Pro Ser Glu Tyr Thr Asp Glu Glu Asp Thr Lys Asp His Asn Lys Gln	210	215	220	
gat tga actttgtaaa caaccaaaagt cagggggcctt cagaactgca attcttactc				728
Asp				
ccctttcacag actgtccgga gtctttgggt ttgattcacc tgctgcgaaa aacattcaac				788
aaattgtgta caagataaat taatctcact atgaagattt gaataactag acattattta				848
tgetgccaaa etcatttggt gcagttgttt gtaatgtcta gtggggcttc atcctcctga				908
aaagaaggag acagggattt ttttaaagag caagaaagtc acaatattac ttctttcctt				968
cccttttttcc ttctttcctt tcttctttct ctttctttct ttttaaaata tattgaagac				1028
aaccagatat gtatttgcta ctcaagtgta cagatctcct caagaaacat caagggactc				1088
ctgtgtcaca tactgtgttt ttattttaac atgggtgagg gaggcgacct gatcagggga				1148
ggtgggggta cacatcaatt tgagttgttc aggcactgta aacattaaaa tgtgaattcc				1208

```

caaaacttttc tttttggcctt tgtcaggggaa aagaaaaaata tctttataaaa gaaatcctttg 1268

gaaatttagga gaaggaatttt cagggtggggtt taagtcagag ctagttcccc aacagaaaaga 1328

tcatttgaaa ccagtttttta tcccttctct ttccttccct ttccctaaat caaatcaata 1388

ttaattgtgc cttatttcac ttaacataga cttgaattat ttttagggaa agccccata 1448

atgaattcag aaatcactac aagcagcatt aagactgaag ttggaatatt ctgttgacca 1508

taaaaccttg atatcattct gtgtatatag aatgtaaaag gaatattaca gtgttaactg 1568

ccatatatgt aatatacaca aactcaatta gcattgtaat ggccaaatgc attcccccat 1628

gcttttctgt tttaaaaaaa attgaaaaac aaatcaactc ttatcccaa cagctgccta 1688

attttaggag tetgaccctc cacatctcac tgggtgtgggt gcatggggct gtggagtggg 1748

tgtcagtatg gatgtgtctg aatgtgtgag gccttggaag ggactctttc tgcagatact 1808

gtaaatacaa gtaccatttt aataaagcat gtacaataaa ccaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1868

aaaaaa 1874

```

```

<210> 42
<211> 223
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 42

```

```

Met Ala Ala Gly Asp Gly Asp Val Lys Leu Gly Thr Leu Gly Ser Gly
1          5          10          15

```

```

Ser Glu Ser Ser Asn Asp Gly Gly Ser Glu Ser Pro Gly Asp Ala Gly
20          25          30

```

```

Ala Ala Ala Glu Gly Gly Gly Trp Ala Ala Ala Ala Leu Ala Leu Leu
35          40          45

```

```

Thr Gly Gly Gly Glu Met Leu Leu Asn Val Ala Leu Val Ala Leu Val
50          55          60

```

```

Leu Leu Gly Ala Tyr Arg Leu Trp Val Arg Trp Gly Arg Arg Gly Leu
65          70          75          80

```

Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Glu Glu Ser Pro Ala Thr Ser Leu Pro
85 90 95

Arg Met Lys Lys Arg Asp Phe Ser Leu Glu Gln Leu Arg Gln Tyr Asp
100 105 110

Gly Ser Arg Asn Pro Arg Ile Leu Leu Ala Val Asn Gly Lys Val Phe
115 120 125

Asp Val Thr Lys Gly Ser Lys Phe Tyr Gly Pro Ala Gly Pro Tyr Gly
130 135 140

Ile Phe Ala Gly Arg Asp Ala Ser Arg Gly Leu Ala Thr Phe Cys Leu
145 150 155 160

Asp Lys Asp Ala Leu Arg Asp Glu Tyr Asp Asp Leu Ser Asp Leu Asn
165 170 175

Ala Val Gln Met Glu Ser Val Arg Glu Trp Glu Met Gln Phe Lys Glu
180 185 190

Lys Tyr Asp Tyr Val Gly Arg Leu Leu Lys Pro Gly Glu Glu Pro Ser
195 200 205

Glu Tyr Thr Asp Glu Glu Asp Thr Lys Asp His Asn Lys Gln Asp
210 215 220

<210> 43
<211> 3795
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (236)..(1633)
<223>

<400> 43
cagcggcgggt ggcccaggta gagggggtccg cgctggcggc ggccggcggcg ctgttccccg 60

cgcgggtccgc	ggagcgggggt	ccggggctgcg	cgacgtgggg	cggcggcgggc	actgcggccc	120
cggecccaagc	ccgaccccgg	gtcccccctct	cggcgcgcccc	ccgecccgggc	gcccgccttc	180
gggcctcccc	ccggggccctc	ggtcccccctc	cccgcctggcg	gggcgccggac	agaag atg	238
					Met	
					1	
gtg cag aag aaa cca gcc gaa ctt cag ggt ttc cac cgt tcg ttc aag	286					
Val Gln Lys Lys Pro Ala Glu Leu Gln Gly Phe His Arg Ser Phe Lys						
	5 10 15					
ggg cag aac ccc ttc gag ctg gcc ttc tcc cta gac cag ccc gac cac	334					
Gly Gln Asn Pro Phe Glu Leu Ala Phe Ser Leu Asp Gln Pro Asp His						
	20 25 30					
gga gac tct gac ttt ggc ctg cag tgc tca gcc cgc cct gac atg ccc	382					
Gly Asp Ser Asp Phe Gly Leu Gln Cys Ser Ala Arg Pro Asp Met Pro						
	35 40 45					
gcc agc cag ccc att gac atc ccg gac gcc aag aag agg ggc aag aag	430					
Ala Ser Gln Pro Ile Asp Ile Pro Asp Ala Lys Lys Arg Gly Lys Lys						
	50 55 60 65					
aag aag cgc ggc cgg gcc acc gac agc ttc tcg ggc agg ttt gaa gac	478					
Lys Lys Arg Gly Arg Ala Thr Asp Ser Phe Ser Gly Arg Phe Glu Asp						
	70 75 80					
gtc tac cag ctg cag gaa gat gtg ctg ggg gag ggc gct cat gcc cga	526					
Val Tyr Gln Leu Gln Glu Asp Val Leu Gly Glu Gly Ala His Ala Arg						
	85 90 95					
gtg cag acc tgc atc aac ctg atc acc agc cag gag tac gcc gtc aag	574					
Val Gln Thr Cys Ile Asn Leu Ile Thr Ser Gln Glu Tyr Ala Val Lys						
	100 105 110					
atc att gag aag cag cca ggc cac att cgg agc agg gtt ttc agg gag	622					
Ile Ile Glu Lys Gln Pro Gly His Ile Arg Ser Arg Val Phe Arg Glu						
	115 120 125					
gtg gag atg ctg tac cag tgc cag gga cac agg aac gtc cta gag ctg	670					
Val Glu Met Leu Tyr Gln Cys Gln Gly His Arg Asn Val Leu Glu Leu						
	130 135 140 145					
att gag ttc ttc gag gag gag gac cgc ttc tac ctg gtg ttt gag aag	718					
Ile Glu Phe Phe Glu Glu Glu Asp Arg Phe Tyr Leu Val Phe Glu Lys						
	150 155 160					
atg cgg gga ggc tcc atc ctg agc cac atc cac aag cgc cgg cac ttc	766					

Met	Arg	Gly	Gly	Ser	Ile	Leu	Ser	His	Ile	His	Lys	Arg	Arg	His	Phe	
			165					170						175		
aac	gag	ctg	gag	gcc	agc	gtg	gtg	gtg	cag	gac	gtg	gcc	agc	gcc	ttg	814
Asn	Glu	Leu	Glu	Ala	Ser	Val	Val	Val	Gln	Asp	Val	Ala	Ser	Ala	Leu	
		180					185					190				
gac	ttt	ctg	cat	aac	aaa	ggc	atc	gcc	cac	agg	gac	cta	aag	ccg	gaa	862
Asp	Phe	Leu	His	Asn	Lys	Gly	Ile	Ala	His	Arg	Asp	Leu	Lys	Pro	Glu	
	195					200					205					
aac	atc	ctc	tgt	gag	cac	ccc	aac	cag	gtc	tcc	ccc	gtg	aag	atc	tgt	910
Asn	Ile	Leu	Cys	Glu	His	Pro	Asn	Gln	Val	Ser	Pro	Val	Lys	Ile	Cys	
210					215					220					225	
gac	ttc	gac	ctg	ggc	agc	ggc	atc	aaa	ctc	aac	ggg	gac	tgc	tcc	cct	958
Asp	Phe	Asp	Leu	Gly	Ser	Gly	Ile	Lys	Leu	Asn	Gly	Asp	Cys	Ser	Pro	
			230					235					240			
atc	tcc	acc	ccg	gag	ctg	ctc	act	ccg	tgc	ggc	tcg	gcg	gag	tac	atg	1006
Ile	Ser	Thr	Pro	Glu	Leu	Leu	Thr	Pro	Cys	Gly	Ser	Ala	Glu	Tyr	Met	
			245					250					255			
gcc	ccg	gag	gta	gtg	gag	gcc	ttc	agc	gag	gag	gct	agc	atc	tac	gac	1054
Ala	Pro	Glu	Val	Val	Glu	Ala	Phe	Ser	Glu	Glu	Ala	Ser	Ile	Tyr	Asp	
		260					265					270				
aag	cgc	tgc	gac	ctg	tgg	agc	ctg	ggc	gtc	atc	ttg	tat	atc	cta	ctc	1102
Lys	Arg	Cys	Asp	Leu	Trp	Ser	Leu	Gly	Val	Ile	Leu	Tyr	Ile	Leu	Leu	
	275					280					285					
agc	ggc	tac	ccg	ccc	ttc	gtg	ggc	cgc	tgt	ggc	agc	gac	tgc	ggc	tgg	1150
Ser	Gly	Tyr	Pro	Pro	Phe	Val	Gly	Arg	Cys	Gly	Ser	Asp	Cys	Gly	Trp	
290					295					300					305	
gac	cgc	ggc	gag	gcc	tgc	cct	gcc	tgc	cag	aac	atg	ctg	ttt	gag	agc	1198
Asp	Arg	Gly	Glu	Ala	Cys	Pro	Ala	Cys	Gln	Asn	Met	Leu	Phe	Glu	Ser	
			310					315					320			
atc	cag	gag	ggc	aag	tac	gag	ttc	ccc	gac	aag	gac	tgg	gcc	cac	atc	1246
Ile	Gln	Glu	Gly	Lys	Tyr	Glu	Phe	Pro	Asp	Lys	Asp	Trp	Ala	His	Ile	
		325					330					335				
tcc	tgc	gct	gcc	aaa	gac	ctc	atc	tcc	aag	ctg	ctg	gtc	cgt	gac	gcc	1294
Ser	Cys	Ala	Ala	Lys	Asp	Leu	Ile	Ser	Lys	Leu	Leu	Val	Arg	Asp	Ala	
		340					345					350				
aag	cag	agg	ctg	agt	gcc	gcc	caa	gtc	ctg	cag	cac	ccc	tgg	gtt	cag	1342
Lys	Gln	Arg	Leu	Ser	Ala	Ala	Gln	Val	Leu	Gln	His	Pro	Trp	Val	Gln	
	355					360					365					

ggg tgc gcc ccg gag aac acc ttg ccc act ccc atg gtc ctg cag agg	1390
Gly Cys Ala Pro Glu Asn Thr Leu Pro Thr Pro Met Val Leu Gln Arg	
370 375 380 385	
aac agc tgt gcc aaa gac ctc acg tcc ttc gcg gct gag gcc att gcc	1438
Asn Ser Cys Ala Lys Asp Leu Thr Ser Phe Ala Ala Glu Ala Ile Ala	
390 395 400	
atg aac cgg cag ctg gcc cag cac gac gag gac ctg gct gag gag gag	1486
Met Asn Arg Gln Leu Ala Gln His Asp Glu Asp Leu Ala Glu Glu Glu	
405 410 415	
gcc gcg ggg cag ggc cag ccc gtc ctg gtc cga gct acc tca cgc tgc	1534
Ala Ala Gly Gln Gly Gln Pro Val Leu Val Arg Ala Thr Ser Arg Cys	
420 425 430	
ctg cag ctg tct cca ccc tcc cag tcc aag ctg gcg cag cgg cgg caa	1582
Leu Gln Leu Ser Pro Pro Ser Gln Ser Lys Leu Ala Gln Arg Arg Gln	
435 440 445	
agg gcc agt ctg tcc tcg gcc cca gtg gtc ctg gtg gga gac cac gcc	1630
Arg Ala Ser Leu Ser Ser Ala Pro Val Val Leu Val Gly Asp His Ala	
450 455 460 465	
tga cccctcccac tccccctctgt acataggtca cccgtccccc aatcaaatct	1683
aaagggttttt taagctatcg ccagccgggtg tccagcgggc tgcccctcct ctgcctggat	1743
tcccaggcac taagctcagc tgaggggggt gttttataga aggtttttgc ttttgggttt	1803
tttttttccct gtttccaccc ctccccgtta ttttttcctt tggatgggta aaagcattgc	1863
aggcaccagg gaagggtgagc agagggtagg tgggtgggct tgteccctcc ccggtecccc	1923
gccctgctca cctctactat gaagggtgcc ccagggtcac tgtgctgccc gccatctgcc	1983
cacgtggcctt gcagtgactc aggagagcag gcccacagcg tttgccatct tgcagagctg	2043
gggagggggca caggaccctg cctctgtgtt cctceccagc ccgcagtatt tcaggggacag	2103
gctcttcccc tctatccctc accctgagag caccctgggt ggcttggttg gggaaggag	2163
gggctgcctg tctctggagg tgtcaggcag gcagggtggca ggcagctcac ccacccaccc	2223
catgggatcc cccagccctt caccgcgcc tgccctgtcc ccatgatagt tgacaatcgg	2283
ggcttcctgc aaggcccgtc tgtctgtcca ggactcctgg tggccagatt cggcctccga	2343
ccttgacctt aaactgcagc tgacccagg ggctcgccgc tgcccctccc ctccacacca	2403

aggcctgaga cagcaggagc cccgcctggc ccgaagccgt ttccaccgca gcaggcagag	2463
gggctggaca ggcactgtca gccaatgtgg ggggtectga agaacaccccc ttggggcacc	2523
cgagtgcgcc ttctcagggc tcagtctgac cgtagccacg tcctgcctcg cgccgcccc	2583
cgggcctgac ctggaagctc cgtcagctcc gtccctgtcc ttagagctga gccagaccc	2643
cggggctctgg ccgaatcctc acccccaggg cagtgttttt ggtctgccac cttcaggaaa	2703
acggctgcgg cctcggcctc ccttcgggca cccaggaatg cgggggtctg ctcagtcctc	2763
ccacccctcca tgctccaacc cccgggggct gcggagcctg ctgccccctc cccgcgggtg	2823
gggacgttct atgcaataca gggttccact ttagaagtgc gcgcggctag ggtcacccgc	2883
cgccttccc ggcgcagccc ccgagctcca cagctggggc agccccctctg gcttctaaat	2943
ccgcggctcg gattcttcc cctgtttagt tttttagttt ttccctaaaa aaaaaacaca	3003
catcgatgga ctttgcctcc ctgttcttga agaatacttg aatgtcgggg ggctggggg	3063
tgggggcctc ggagaccgtc tgcctggccc tgctgcccct cctgaatctc gtatgatggt	3123
cacagtcggg tggcgtggg ggtgctctgc cttccctggt ccccaactgcc catatctgtg	3183
gactgcccc tccaaagacc cctggggggg gtggggcatt ccgcccaccc ctttccccc	3243
tcacttctcg cctgtcagtg attccatggt tcgtaacggg ggattctctg cttttttgta	3303
tcaaagaaca agcaaatgga cccccgccg ctgcaggcgc ccatagccat cgggtctcta	3363
aagctgagtg gctagcagcg ttgttttgtt tgtttttttt tttttttctg aagggtgggac	3423
agtcacttcc tcttccctcc ccacccctgt cgcateccacg tgcgacctgg aggactggtc	3483
agaaccgtta ctgtgaatga gtgaagatcc tggaggaccc tggggcccag gccagctccc	3543
atcgctgggg gacgggtgaac ggccatgtgt taatgttacg atgtttttta aagacaaaaa	3603
aaaaaaaaaa acctcaaaag ttttttttaa gtgggggaaa aacatccaag cactttaatt	3663
ccaatgtacc aggtgaactg acggagctca gaagttttcc tttaacaccaa ctgtcaatgc	3723
cggaaattttg tattctgttt tgtaaagatt taataaaagt caaaaaactt gcaaaaaaaa	3783
aaaaaaaaaa aa	3795

<210> 44
<211> 465
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 44

Met Val Gln Lys Lys Pro Ala Glu Leu Gln Gly Phe His Arg Ser Phe
1 5 10 15

Lys Gly Gln Asn Pro Phe Glu Leu Ala Phe Ser Leu Asp Gln Pro Asp
20 25 30

His Gly Asp Ser Asp Phe Gly Leu Gln Cys Ser Ala Arg Pro Asp Met
35 40 45

Pro Ala Ser Gln Pro Ile Asp Ile Pro Asp Ala Lys Lys Arg Gly Lys
50 55 60

Lys Lys Lys Arg Gly Arg Ala Thr Asp Ser Phe Ser Gly Arg Phe Glu
65 70 75 80

Asp Val Tyr Gln Leu Gln Glu Asp Val Leu Gly Glu Gly Ala His Ala
85 90 95

Arg Val Gln Thr Cys Ile Asn Leu Ile Thr Ser Gln Glu Tyr Ala Val
100 105 110

Lys Ile Ile Glu Lys Gln Pro Gly His Ile Arg Ser Arg Val Phe Arg
115 120 125

Glu Val Glu Met Leu Tyr Gln Cys Gln Gly His Arg Asn Val Leu Glu
130 135 140

Leu Ile Glu Phe Phe Glu Glu Glu Asp Arg Phe Tyr Leu Val Phe Glu
145 150 155 160

Lys Met Arg Gly Gly Ser Ile Leu Ser His Ile His Lys Arg Arg His
165 170 175

Phe Asn Glu Leu Glu Ala Ser Val Val Val Gln Asp Val Ala Ser Ala
180 185 190

Leu Asp Phe Leu His Asn Lys Gly Ile Ala His Arg Asp Leu Lys Pro
195 200 205

Glu Asn Ile Leu Cys Glu His Pro Asn Gln Val Ser Pro Val Lys Ile
210 215 220

Cys Asp Phe Asp Leu Gly Ser Gly Ile Lys Leu Asn Gly Asp Cys Ser
225 230 235 240

Pro Ile Ser Thr Pro Glu Leu Leu Thr Pro Cys Gly Ser Ala Glu Tyr
245 250 255

Met Ala Pro Glu Val Val Glu Ala Phe Ser Glu Glu Ala Ser Ile Tyr
260 265 270

Asp Lys Arg Cys Asp Leu Trp Ser Leu Gly Val Ile Leu Tyr Ile Leu
275 280 285

Leu Ser Gly Tyr Pro Pro Phe Val Gly Arg Cys Gly Ser Asp Cys Gly
290 295 300

Trp Asp Arg Gly Glu Ala Cys Pro Ala Cys Gln Asn Met Leu Phe Glu
305 310 315 320

Ser Ile Gln Glu Gly Lys Tyr Glu Phe Pro Asp Lys Asp Trp Ala His
325 330 335

Ile Ser Cys Ala Ala Lys Asp Leu Ile Ser Lys Leu Leu Val Arg Asp
340 345 350

Ala Lys Gln Arg Leu Ser Ala Ala Gln Val Leu Gln His Pro Trp Val
355 360 365

Gln Gly Cys Ala Pro Glu Asn Thr Leu Pro Thr Pro Met Val Leu Gln

370

375

380

Arg Asn Ser Cys Ala Lys Asp Leu Thr Ser Phe Ala Ala Glu Ala Ile
 385 390 395 400

Ala Met Asn Arg Gln Leu Ala Gln His Asp Glu Asp Leu Ala Glu Glu
 405 410 415

Glu Ala Ala Gly Gln Gly Gln Pro Val Leu Val Arg Ala Thr Ser Arg
 420 425 430

Cys Leu Gln Leu Ser Pro Pro Ser Gln Ser Lys Leu Ala Gln Arg Arg
 435 440 445

Gln Arg Ala Ser Leu Ser Ser Ala Pro Val Val Leu Val Gly Asp His
 450 455 460

Ala
 465

<210> 45
 <211> 631
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<400> 45
 gaggtgaggg gcgcctctgc ccggccgcc ctaactgggaa gtgaggagcc cctctgcctg 60
 gccagccgcc ccgtccggga gggcgggtggg ggggtcagcc cccctcccg g ccagccgcc 120
 catctgggag gtgaggggca cttctgccgg gccgcccta ctgggaagtg aggagccct 180
 ctgcccggcc acgaccccg tctgggaggtg tgcccagcgg ctcatctgggg atgggccatg 240
 atgacaatgg cggtttttgt gaatagaaag gcgggaaggg tggggaaaaa attgagaaat 300
 cggatggttg cgggggtctgt gtggatagaa gtagacatgg gagacttttc atttgtttct 360
 gtactaagaa aaattcttct gccttgggat cctgttgatc tgtgacctta tccccaaccc 420
 tgtgctctct gaaacatgtg ctgtgtccac tcagggttaa atggattaag ggcgggtgcaa 480
 gatgtgcttt gttaaacaga tgcttgaagg cagcatgctc gttaagagtc atcaccactc 540

```

cctaattctta agtaccacagg gacacaaaaca ctgcggaagg ccgcaggggtc ctctgcctag      600
gaaaaccaga gacctttgtt cacttggttat c                                         631

<210> 46
<211> 472
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<400> 46
tactgggaag tgaggaaccc ctctgcccgg ccagccgccc cgtccgggag ggaggtgggg      60
ggatcagccc cccgcctggc agccgccccg tccgggaggt gaggggcgcc tctgcccggc      120
cgcccctact gggaagtgag gagccccctt gcccgggccag ccgcccgcgc cgggagggag      180
gtgggggggt cagccgcgcg ccgtccggga cctagctggg caccgatggg ccggcacggg      240
tacgggtggca ggaagcgtea ggcgagcgaa gtgcgcgtaa cagtgccagc gacgacgaga      300
cgagcaaagg tagtgccgag tgccagtaca tgatgccatc ctcagacgat gggaggcggg      360
gtcgacgacc cgcgcgctgt actgagcaac agggtagact aagaatacaa cagtgggtcg      420
cagtgccctat gagagaataa gtgatgacgc gtgtcgagcg attgtaccca ga              472

```

```

<210> 47
<211> 7026
<212> DNA
<213> Homo sapiens

```

```

<220>
<221> CDS
<222> (420)..(5045)
<223>

```

```

<400> 47
gacacgcacg caccggggcg ccgaagggaa agccgcgtct cgccctcccg ccccgccgctc      60
ggtectgtct cagtccttca gcagagcggg aaagcggagg ccggagccgt gacctctgac      120
cccggtggtta tgcggagccg ccgcattcct tagcgatcgc ggggcagccg ccgctgccgc      180
cgtgggcgac tgacgcagcg cgggcgcgtg gagccgcgcg cgccctccc ccaccgcgcg      240
tctcgcgcca gccgggtccc gcgtgcccgc cctttctccc cggccgcacc cgagacctcg      300

```

cgcgccgccg	ctgccacgcg	ccccccccac	cgcgccgccg	gccccagccc	cgcgccaccg	360
ccccagccccg	cccagccccgg	aggtcccgcg	tggagctgcc	gcccgcgccg	gggagaagg	419
atg aag gac aaa cag aag aag aag aag gag cgc acg tgg gcc gag gcc	467					
Met Lys Asp Lys Gln Lys Lys Lys Lys Glu Arg Thr Trp Ala Glu Ala						
1 5 10 15						
gcg cgc ctg gta tta gaa aac tac tcg gat gct cca atg aca cca aaa	515					
Ala Arg Leu Val Leu Glu Asn Tyr Ser Asp Ala Pro Met Thr Pro Lys						
20 25 30						
cag att ctg cag gtc ata gag gca gaa gga cta aag gaa atg aga agt	563					
Gln Ile Leu Gln Val Ile Glu Ala Glu Gly Leu Lys Glu Met Arg Ser						
35 40 45						
ggg act tcc cct ctc gca tgc ctc aat gct atg cta cat tcc aat tca	611					
Gly Thr Ser Pro Leu Ala Cys Leu Asn Ala Met Leu His Ser Asn Ser						
50 55 60						
aga gga gga gag ggg ttg ttt tat aaa ctg cct ggc cga atc agc ctt	659					
Arg Gly Gly Glu Gly Leu Phe Tyr Lys Leu Pro Gly Arg Ile Ser Leu						
65 70 75 80						
ttc acg ctc aag aag gat gcc ctg cag tgg tct cgc cat cca gct aca	707					
Phe Thr Leu Lys Lys Asp Ala Leu Gln Trp Ser Arg His Pro Ala Thr						
85 90 95						
gtg gag gga gag gag cca gag gac acg gct gat gtg gag agc tgt ggg	755					
Val Glu Gly Glu Glu Pro Glu Asp Thr Ala Asp Val Glu Ser Cys Gly						
100 105 110						
tct aat gaa gcc agc act gtg agt ggt gaa aac gat gta tct ctt gat	803					
Ser Asn Glu Ala Ser Thr Val Ser Gly Glu Asn Asp Val Ser Leu Asp						
115 120 125						
gaa aca tct tcg aac gca tcc tgt tct aca gaa tct cag agt cga cct	851					
Glu Thr Ser Ser Asn Ala Ser Cys Ser Thr Glu Ser Gln Ser Arg Pro						
130 135 140						
ctt tcc aat ccc agg gac agc tac aga gct tcc tca cag gcg aac aaa	899					
Leu Ser Asn Pro Arg Asp Ser Tyr Arg Ala Ser Ser Gln Ala Asn Lys						
145 150 155 160						
caa aag aaa aag act ggg gtg atg ctg cct cga gtt gtc ctg act cct	947					
Gln Lys Lys Lys Thr Gly Val Met Leu Pro Arg Val Val Leu Thr Pro						
165 170 175						
ctg aag gta aac ggg gcc cac gtg gaa tct gca tca ggg ttc tcg ggc	995					
Leu Lys Val Asn Gly Ala His Val Glu Ser Ala Ser Gly Phe Ser Gly						

	180		185		190	
tgc cac gcc gat ggc gag agc ggc agc ccg tcc agc agc agc agc ggc						1043
Cys His Ala Asp Gly Glu Ser Gly Ser Pro Ser Ser Ser Ser Ser Gly						
	195		200		205	
tct ctg gcc ctg ggc agc gct gct att cgt ggc cag gcc gag gtc acc						1091
Ser Leu Ala Leu Gly Ser Ala Ala Ile Arg Gly Gln Ala Glu Val Thr						
	210		215		220	
cag gac cct gcc ccg ctc ctg aga ggc ttc cgg aag cca gcc aca ggt						1139
Gln Asp Pro Ala Pro Leu Leu Arg Gly Phe Arg Lys Pro Ala Thr Gly						
225		230		235		240
caa atg aag cgc aac aga ggg gaa gaa ata gat ttt gag aca cct ggg						1187
Gln Met Lys Arg Asn Arg Gly Glu Glu Ile Asp Phe Glu Thr Pro Gly						
	245		250		255	
tcc att ctt gtc aac acc aac ctc cgt gcc ctg atc aac tct cgg acc						1235
Ser Ile Leu Val Asn Thr Asn Leu Arg Ala Leu Ile Asn Ser Arg Thr						
	260		265		270	
ttc cat gcc tta cca tca cac ttc cag cag cag ctc ctc ttc ctc ctg						1283
Phe His Ala Leu Pro Ser His Phe Gln Gln Gln Leu Leu Phe Leu Leu						
	275		280		285	
cct gaa gta gac aga cag gtg ggg acg gat ggc ctg ttg cgt ctc agc						1331
Pro Glu Val Asp Arg Gln Val Gly Thr Asp Gly Leu Leu Arg Leu Ser						
	290		295		300	
agc agt gca cta aat aac gag ttt ttt acc cat gcg gct cag agc tgg						1379
Ser Ser Ala Leu Asn Asn Glu Phe Phe Thr His Ala Ala Gln Ser Trp						
305		310		315		320
cgg gag cgc ctg gct gat ggt gaa ttt act cat gag atg caa gtc agg						1427
Arg Glu Arg Leu Ala Asp Gly Glu Phe Thr His Glu Met Gln Val Arg						
	325		330		335	
ata cga cag gaa atg gag aag gaa aag aag gtg gaa caa tgg aaa gaa						1475
Ile Arg Gln Glu Met Glu Lys Glu Lys Lys Val Glu Gln Trp Lys Glu						
	340		345		350	
aag ttc ttt gaa gac tac tat gga cag aag ctg ggt ttg acc aaa gaa						1523
Lys Phe Phe Glu Asp Tyr Tyr Gly Gln Lys Leu Gly Leu Thr Lys Glu						
	355		360		365	
gag tca ttg cag cag aac gtg ggc cag gag gag gct gaa atc aaa agt						1571
Glu Ser Leu Gln Gln Asn Val Gly Gln Glu Glu Ala Glu Ile Lys Ser						
	370		375		380	

ggc	tgt	gtc	cca	gga	gaa	tca	gtg	cgt	ata	cag	cgt	ggg	cca	gcc		1619
Gly	Leu	Cys	Val	Pro	Gly	Glu	Ser	Val	Arg	Ile	Gln	Arg	Gly	Pro	Ala	
385					390				395					400		
acc	cga	cag	cga	gat	ggg	cat	ttt	aag	aaa	cgc	tct	cgg	cca	gat	ctc	1667
Thr	Arg	Gln	Arg	Asp	Gly	His	Phe	Lys	Lys	Arg	Ser	Arg	Pro	Asp	Leu	
				405				410						415		
cga	acc	aga	gcc	aga	agg	aat	ctg	tac	aaa	aaa	cag	gag	tca	gaa	caa	1715
Arg	Thr	Arg	Ala	Arg	Arg	Asn	Leu	Tyr	Lys	Lys	Gln	Glu	Ser	Glu	Gln	
			420					425					430			
gca	ggg	gtt	gct	aag	gat	gca	aaa	tct	gtg	gcc	tca	gat	gtt	ccc	ctc	1763
Ala	Gly	Val	Ala	Lys	Asp	Ala	Lys	Ser	Val	Ala	Ser	Asp	Val	Pro	Leu	
		435					440					445				
tac	aag	gat	ggg	gag	gct	aag	act	gac	cca	gca	ggg	ctg	agc	agt	ccc	1811
Tyr	Lys	Asp	Gly	Glu	Ala	Lys	Thr	Asp	Pro	Ala	Gly	Leu	Ser	Ser	Pro	
	450					455					460					
cat	ctg	cca	ggc	aca	tcc	tct	gca	gca	ccc	gac	ctg	gag	ggg	ccc	gaa	1859
His	Leu	Pro	Gly	Thr	Ser	Ser	Ala	Ala	Pro	Asp	Leu	Glu	Gly	Pro	Glu	
465					470					475					480	
ttc	cca	gtt	gag	tct	gtg	gct	tct	cgg	atc	cag	gct	gag	cca	gac	aac	1907
Phe	Pro	Val	Glu	Ser	Val	Ala	Ser	Arg	Ile	Gln	Ala	Glu	Pro	Asp	Asn	
				485				490						495		
tgt	gca	cgt	gcc	tct	gca	tct	cca	gac	aga	att	cct	agc	ctg	cct	cag	1955
Leu	Ala	Arg	Ala	Ser	Ala	Ser	Pro	Asp	Arg	Ile	Pro	Ser	Leu	Pro	Gln	
			500					505					510			
gaa	act	gtg	gat	cag	gaa	ccc	aag	gat	cag	aag	agg	aaa	tcc	ttt	gag	2003
Glu	Thr	Val	Asp	Gln	Glu	Pro	Lys	Asp	Gln	Lys	Arg	Lys	Ser	Phe	Glu	
		515					520					525				
cag	gcg	gcc	tct	gca	tcc	ttt	ccc	gaa	aag	aag	ccc	cgg	ctt	gaa	gat	2051
Gln	Ala	Ala	Ser	Ala	Ser	Phe	Pro	Glu	Lys	Lys	Pro	Arg	Leu	Glu	Asp	
	530					535					540					
cgt	cag	tcc	ttt	cgt	aac	aca	att	gaa	agt	gtt	cac	acc	gaa	aag	cca	2099
Arg	Gln	Ser	Phe	Arg	Asn	Thr	Ile	Glu	Ser	Val	His	Thr	Glu	Lys	Pro	
545				550						555					560	
cag	ccc	act	aaa	gag	gag	ccc	aaa	gtc	ccg	ccc	atc	cgg	att	caa	ctt	2147
Gln	Pro	Thr	Lys	Glu	Glu	Pro	Lys	Val	Pro	Pro	Ile	Arg	Ile	Gln	Leu	
				565				570						575		
tca	cgt	atc	aaa	cca	ccc	tgg	gtg	gtt	aaa	ggg	cag	ccc	act	tac	cag	2195
Ser	Arg	Ile	Lys	Pro	Pro	Trp	Val	Val	Lys	Gly	Gln	Pro	Thr	Tyr	Gln	

580				585				590									
ata	tgc	ccc	cgg	atc	atc	ccc	acc	acg	gag	tcc	tcc	tgc	cgg	ggt	tgg	2243	
Ile	Cys	Pro	Arg	Ile	Ile	Pro	Thr	Thr	Glu	Ser	Ser	Cys	Arg	Gly	Trp		
595				600				605									
act	ggc	gcc	agg	acc	ctc	gca	gac	att	aaa	gcc	cgt	gct	ctg	cag	gtc	2291	
Thr	Gly	Ala	Arg	Thr	Leu	Ala	Asp	Ile	Lys	Ala	Arg	Ala	Leu	Gln	Val		
610				615				620									
cga	ggg	gcg	aga	ggt	cac	cac	tgc	cat	aga	gag	gcg	gcc	acc	act	gcc	2339	
Arg	Gly	Ala	Arg	Gly	His	His	Cys	His	Arg	Glu	Ala	Ala	Thr	Thr	Ala		
625				630				635				640					
atc	gga	ggg	ggg	ggt	ggc	ccg	ggt	gga	ggt	ggc	ggc	ggg	gcc	acc	gat	2387	
Ile	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Pro	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Thr	Asp		
645				650				655				660					
gag	gga	ggt	ggc	aga	ggc	agc	agc	agt	ggt	gat	ggt	ggt	gag	gcc	tgt	2435	
Glu	Gly	Gly	Gly	Arg	Gly	Ser	Ser	Ser	Gly	Asp	Gly	Gly	Glu	Ala	Cys		
660				665				670									
ggc	cac	cct	gag	ccc	agg	gga	ggc	ccg	agc	acc	cct	gga	aag	tgt	acg	2483	
Gly	His	Pro	Glu	Pro	Arg	Gly	Gly	Pro	Ser	Thr	Pro	Gly	Lys	Cys	Thr		
675				680				685									
tca	gat	cta	cag	cga	aca	caa	cta	ctg	ccg	cct	tat	cct	cta	aat	ggg	2531	
Ser	Asp	Leu	Gln	Arg	Thr	Gln	Leu	Leu	Pro	Pro	Tyr	Pro	Leu	Asn	Gly		
690				695				700									
gag	cat	acc	cag	gcc	gga	act	gcc	atg	tcc	aga	gct	agg	aga	gag	gac	2579	
Glu	His	Thr	Gln	Ala	Gly	Thr	Ala	Met	Ser	Arg	Ala	Arg	Arg	Glu	Asp		
705				710				715				720					
ctg	cct	tct	ctg	aga	aag	gag	gaa	agc	tgc	cta	cta	cag	agg	gct	aca	2627	
Leu	Pro	Ser	Leu	Arg	Lys	Glu	Glu	Ser	Cys	Leu	Leu	Gln	Arg	Ala	Thr		
725				730				735				740					
gtt	gga	ctc	aca	gat	ggg	cta	gga	gat	gcc	tcc	caa	ctc	ccc	gtt	gct	2675	
Val	Gly	Leu	Thr	Asp	Gly	Leu	Gly	Asp	Ala	Ser	Gln	Leu	Pro	Val	Ala		
740				745				750									
ccc	act	ggg	gac	cag	cca	tgc	cag	gcc	ttg	ccc	cta	ctg	tcc	tcc	caa	2723	
Pro	Thr	Gly	Asp	Gln	Pro	Cys	Gln	Ala	Leu	Pro	Leu	Leu	Ser	Ser	Gln		
755				760				765									
acc	tca	gta	gct	gag	aga	tta	gtg	gag	cag	cct	cag	ttg	cat	ccg	gat	2771	
Thr	Ser	Val	Ala	Glu	Arg	Leu	Val	Glu	Gln	Pro	Gln	Leu	His	Pro	Asp		
770				775				780									

gtt	aga	act	gaa	tgt	gag	tct	ggc	acc	act	tcc	tgg	gaa	agt	gat	gat	2819
Val	Arg	Thr	Glu	Cys	Glu	Ser	Gly	Thr	Thr	Ser	Trp	Glu	Ser	Asp	Asp	
785					790					795					800	
gag	gag	caa	gga	ccc	acc	gtt	cct	gca	gac	aat	ggg	ccc	att	ccg	tct	2867
Glu	Glu	Gln	Gly	Pro	Thr	Val	Pro	Ala	Asp	Asn	Gly	Pro	Ile	Pro	Ser	
				805					810					815		
cta	gtg	gga	gat	gat	aca	tta	gag	aaa	gga	act	ggc	caa	gct	ctt	gac	2915
Leu	Val	Gly	Asp	Asp	Thr	Leu	Glu	Lys	Gly	Thr	Gly	Gln	Ala	Leu	Asp	
			820					825					830			
agt	cat	ccc	act	atg	aag	gat	cct	gta	aat	gtg	acc	ccc	agt	tcc	aca	2963
Ser	His	Pro	Thr	Met	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Val	Thr	Pro	Ser	Ser	Thr	
		835					840					845				
cct	gaa	tcc	tca	ccg	act	gat	tgc	ctg	cag	aac	aga	gca	ttt	gat	gac	3011
Pro	Glu	Ser	Ser	Pro	Thr	Asp	Cys	Leu	Gln	Asn	Arg	Ala	Phe	Asp	Asp	
	850					855					860					
gaa	tta	ggg	ctt	ggg	ggc	tca	tgc	cct	cct	atg	agg	gaa	agt	gat	act	3059
Glu	Leu	Gly	Leu	Gly	Gly	Ser	Cys	Pro	Pro	Met	Arg	Glu	Ser	Asp	Thr	
865					870					875					880	
aga	caa	gaa	aac	ttg	aaa	acc	aag	gct	ctc	gtt	tct	aac	agt	tct	ttg	3107
Arg	Gln	Glu	Asn	Leu	Lys	Thr	Lys	Ala	Leu	Val	Ser	Asn	Ser	Ser	Leu	
				885					890					895		
cat	tgg	ata	ccc	atc	cca	tcg	aat	gat	gag	gta	gtg	aaa	cag	ccc	aaa	3155
His	Trp	Ile	Pro	Ile	Pro	Ser	Asn	Asp	Glu	Val	Val	Lys	Gln	Pro	Lys	
			900					905					910			
cca	gaa	tcc	aga	gaa	cac	ata	cca	tct	gtt	gag	ccc	cag	gtt	gga	gag	3203
Pro	Glu	Ser	Arg	Glu	His	Ile	Pro	Ser	Val	Glu	Pro	Gln	Val	Gly	Glu	
		915					920					925				
gag	tgg	gag	aaa	gct	gct	ccc	acc	cct	cct	gca	ttg	cct	ggg	gat	ttg	3251
Glu	Trp	Glu	Lys	Ala	Ala	Pro	Thr	Pro	Pro	Ala	Leu	Pro	Gly	Asp	Leu	
	930					935					940					
aca	gct	gag	gag	ggg	cta	gat	cct	ctt	gac	agc	ctt	act	tca	ctc	tgg	3299
Thr	Ala	Glu	Glu	Gly	Leu	Asp	Pro	Leu	Asp	Ser	Leu	Thr	Ser	Leu	Trp	
945					950					955					960	
act	gtg	cca	tct	cga	gga	ggc	agt	gac	agc	aat	ggc	agt	tac	tgt	caa	3347
Thr	Val	Pro	Ser	Arg	Gly	Gly	Ser	Asp	Ser	Asn	Gly	Ser	Tyr	Cys	Gln	
				965					970					975		
cag	gtg	gac	att	gaa	aag	ctg	aaa	atc	aac	gga	gac	tct	gaa	gca	ctg	3395
Gln	Val	Asp	Ile	Glu	Lys	Leu	Lys	Ile	Asn	Gly	Asp	Ser	Glu	Ala	Leu	

980

985

990

agt cct cac ggt gag tcc acg gat aca gcc tct gac ttt gaa ggt cac 3443
 Ser Pro His Gly Glu Ser Thr Asp Thr Ala Ser Asp Phe Glu Gly His
 995 1000 1005

ctc acg gag gac agc agt gag gct gac act aga gaa gct gca gtg 3488
 Leu Thr Glu Asp Ser Ser Glu Ala Asp Thr Arg Glu Ala Ala Val
 1010 1015 1020

aca aag gga tct tcg gtg gac aag gat gag aaa ccc aat tgg aac 3533
 Thr Lys Gly Ser Ser Val Asp Lys Asp Glu Lys Pro Asn Trp Asn
 1025 1030 1035

caa tct gcc cca ctg tcc aag gtg aat ggt gac atg cgt ctg gtt 3578
 Gln Ser Ala Pro Leu Ser Lys Val Asn Gly Asp Met Arg Leu Val
 1040 1045 1050

aca agg aca gat ggg atg gtt gct cct cag agc tgg gtg tct cga 3623
 Thr Arg Thr Asp Gly Met Val Ala Pro Gln Ser Trp Val Ser Arg
 1055 1060 1065

gta tgt gcg gtc cgc caa aag atc cca gat tcc cta ctg ctg gcc 3668
 Val Cys Ala Val Arg Gln Lys Ile Pro Asp Ser Leu Leu Leu Ala
 1070 1075 1080

agt act gag tac cag cca aga gcc gtg tgc ctg tcc atg cct ggg 3713
 Ser Thr Glu Tyr Gln Pro Arg Ala Val Cys Leu Ser Met Pro Gly
 1085 1090 1095

tcc tca gtg gag gcc act aac cca ctt gtg atg cag ttg ctg cag 3758
 Ser Ser Val Glu Ala Thr Asn Pro Leu Val Met Gln Leu Leu Gln
 1100 1105 1110

ggt agc ttg ccc cta gag aag gtt ctt cca cca gcc cac gat gac 3803
 Gly Ser Leu Pro Leu Glu Lys Val Leu Pro Pro Ala His Asp Asp
 1115 1120 1125

agc atg tca gaa tcc cca caa gta cca ctt aca aaa gac cag agc 3848
 Ser Met Ser Glu Ser Pro Gln Val Pro Leu Thr Lys Asp Gln Ser
 1130 1135 1140

cat ggc tcg cta cgc atg gga tct tta cat ggt ctt gga aaa aac 3893
 His Gly Ser Leu Arg Met Gly Ser Leu His Gly Leu Gly Lys Asn
 1145 1150 1155

agt ggc atg gtt gat gga agc agc ccc agt tct tta agg gct ttg 3938
 Ser Gly Met Val Asp Gly Ser Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ala Leu
 1160 1165 1170

aag gag cct ctt ctg cca gat agc tgt gaa aca ggc act ggt ctt	3983
Lys Glu Pro Leu Leu Pro Asp Ser Cys Glu Thr Gly Thr Gly Leu	
1175 1180 1185	
gcc agg att gag gcc acc cag gct cct gga gca ccc caa aag aat	4028
Ala Arg Ile Glu Ala Thr Gln Ala Pro Gly Ala Pro Gln Lys Asn	
1190 1195 1200	
tgc aag gca gtc cca agt ttt gac tcc ctc cat cca gtg aca aat	4073
Cys Lys Ala Val Pro Ser Phe Asp Ser Leu His Pro Val Thr Asn	
1205 1210 1215	
ccc att aca tcc tct agg aaa ctg gaa gaa atg gat tcc aaa gag	4118
Pro Ile Thr Ser Ser Arg Lys Leu Glu Glu Met Asp Ser Lys Glu	
1220 1225 1230	
cag ttc tct tcc ttt agt tgt gaa gat cag aag gaa gtc cgt gct	4163
Gln Phe Ser Ser Phe Ser Cys Glu Asp Gln Lys Glu Val Arg Ala	
1235 1240 1245	
atg tca cag gac agt aat tca aat gct gct cca gga aag agc cca	4208
Met Ser Gln Asp Ser Asn Ser Asn Ala Ala Pro Gly Lys Ser Pro	
1250 1255 1260	
gga gat ctt act acc tcg aga aca cct cgt ttc tca tct cca aat	4253
Gly Asp Leu Thr Thr Ser Arg Thr Pro Arg Phe Ser Ser Pro Asn	
1265 1270 1275	
gtg atc tcc ttt ggt cca gag cag aca ggt cgg gcc ctg ggt gat	4298
Val Ile Ser Phe Gly Pro Glu Gln Thr Gly Arg Ala Leu Gly Asp	
1280 1285 1290	
cag agc aat gtt aca ggc caa ggg aag aag ctt ttt ggc tct ggg	4343
Gln Ser Asn Val Thr Gly Gln Gly Lys Lys Leu Phe Gly Ser Gly	
1295 1300 1305	
aat gtg gct gca acc ctt cag cgc ccc agg cct gcg gac ccg atg	4388
Asn Val Ala Ala Thr Leu Gln Arg Pro Arg Pro Ala Asp Pro Met	
1310 1315 1320	
cct ctt cct gct gag atc cct cca gtt ttt ccc agt ggg aag ttg	4433
Pro Leu Pro Ala Glu Ile Pro Pro Val Phe Pro Ser Gly Lys Leu	
1325 1330 1335	
gga cca agc aca aac tcc atg tct ggt ggg gta cag act cca agg	4478
Gly Pro Ser Thr Asn Ser Met Ser Gly Gly Val Gln Thr Pro Arg	
1340 1345 1350	
gaa gac tgg gct cca aag cca cat gcc ttt gtt ggc agc gtc aag	4523
Glu Asp Trp Ala Pro Lys Pro His Ala Phe Val Gly Ser Val Lys	

1355		1360		1365	
aat gag aag act ttt gtg ggg ggt cct ctt aag gca aat gcc gag	4568				
Asn Glu Lys Thr Phe Val Gly Gly Pro Leu Lys Ala Asn Ala Glu					
1370		1375		1380	
aac agg aaa gct act ggg cat agt ccc ctg gaa ctg gtg ggt cac	4613				
Asn Arg Lys Ala Thr Gly His Ser Pro Leu Glu Leu Val Gly His					
1385		1390		1395	
ttg gaa ggg atg ccc ttt gtc atg gac ttg ccc ttc tgg aaa tta	4658				
Leu Glu Gly Met Pro Phe Val Met Asp Leu Pro Phe Trp Lys Leu					
1400		1405		1410	
ccc cga gag cca ggg aag ggg ctc agt gag cct ctg gag cct tct	4703				
Pro Arg Glu Pro Gly Lys Gly Leu Ser Glu Pro Leu Glu Pro Ser					
1415		1420		1425	
tct ctc ccc tcc caa ctc agc atc aag cag gca ttt tat ggg aag	4748				
Ser Leu Pro Ser Gln Leu Ser Ile Lys Gln Ala Phe Tyr Gly Lys					
1430		1435		1440	
ctt tct aaa ctc caa ctg agt tcc acc agc ttt aat tat tcc tct	4793				
Leu Ser Lys Leu Gln Leu Ser Ser Thr Ser Phe Asn Tyr Ser Ser					
1445		1450		1455	
agc tct ccc acc ttt ccc aaa ggc ctt gct gga agt gtg gtg cag	4838				
Ser Ser Pro Thr Phe Pro Lys Gly Leu Ala Gly Ser Val Val Gln					
1460		1465		1470	
ctg agc cac aaa gca aac ttt ggt gcg agc cac agt gca tca ctt	4883				
Leu Ser His Lys Ala Asn Phe Gly Ala Ser His Ser Ala Ser Leu					
1475		1480		1485	
tcc ttg caa atg ttc act gac agc agc acg gtg gaa agc atc tcg	4928				
Ser Leu Gln Met Phe Thr Asp Ser Ser Thr Val Glu Ser Ile Ser					
1490		1495		1500	
ctc cag tgt gcg tgc agc ctg aaa gcc atg atc atg tgc caa ggc	4973				
Leu Gln Cys Ala Cys Ser Leu Lys Ala Met Ile Met Cys Gln Gly					
1505		1510		1515	
tgc ggt gcg ttc tgt cac gat gac tgt att gga ccc tca aag ctc	5018				
Cys Gly Ala Phe Cys His Asp Asp Cys Ile Gly Pro Ser Lys Leu					
1520		1525		1530	
tgt gta ttg tgc ctt gtg gtg aga taa taaattatgg ccatgggaaa	5065				
Cys Val Leu Cys Leu Val Val Arg					
1535		1540			

cattgtatat	ttagtggtg	tattttgata	atgattgac	ttaaatctgt	atacagaata	5125
tcattgatat	aatactcttt	aggcaggagc	actcttgcc	ttccccaaaa	tttacactgc	5185
taaagccctc	tgtaacttgg	cgaccttct	ggtcttgctg	gaggggtttc	ctgggtataa	5245
cccatthgggc	tgcccaaggc	cagccagcct	gagctctcct	gcaagacaga	gcctgatgtg	5305
gcacggagtg	gggttgcggg	gggtgggggg	actgcctgac	tcccagaggg	acttgaaact	5365
gaagcaagaa	ggttgcattc	tccaccaagg	gagttaacct	acctgaacta	agtagaaatg	5425
ccagtcttcc	actaccccc	ccctgccatc	ttttcttctg	ctactttggg	gagttgatgg	5485
ccaggaaaga	agccagcaca	gggttaaagt	aactcctggc	attgcccacc	agggggctgg	5545
tgcacctgct	gacctcaggg	tcacagttga	gtcatttgcc	agttgacgga	gcaagtttga	5605
ccttggttct	gttgctgaag	caaatttggg	acttttctgt	ctcagtggtg	tccactaacc	5665
cacaggatca	tttggaacct	tgaatagctc	tgccttggaca	atgggggttg	ggaataggg	5725
tgtctttcct	atgaaaatgc	catctgtaga	ccttgtgagt	cagccgtcca	gatgtttgca	5785
ggtgaattcc	tctgcttgac	atcctccctg	tcactttgga	ccctatggga	gtgggcacct	5845
ccacgcacct	gtgtatgtga	aagtcatttt	acatttcaaa	gcagtgtgtg	tttcttattt	5905
ttatatTTTT	aactctttat	tcttggatgt	ataaagtga	ctttttggct	tctgtaagta	5965
tgtcttatgc	acctctaatt	ttttatcatg	tatttataatg	ttgtacacag	tactggctga	6025
ttctgtaaat	ggatgtattg	tacagagaac	atgaacgtct	cttcctaatt	ttacatcttc	6085
agcatcattg	cattaaagtg	gtgtaatctc	cttctctaca	tctgttgtca	gagccactga	6145
gtgctgtgct	gctcgacgtg	agggtgaaat	gattgacttg	tgacctgcca	ggttgcccgga	6205
tgccctgttg	ggtcacccggc	tggacctgct	gcagcctgca	gagccacagt	cagcctgccc	6265
acatgccacc	gagcaaacgc	atcttgcttt	tcacatctct	cctectacag	ccttaatggc	6325
tgettgcctgc	catatgtgac	aaatcaccac	caccagtgtt	aagtgccttc	ggattcatgg	6385
gtgagttccc	tgggcagccc	ccagggaaggc	cttcagatc	tggctccagg	gtcaccacct	6445
gtcacagcaa	tacctgggac	catgctctcc	tgggactgtg	aggetccttt	tgacgtactt	6505
ttgacatcag	gcaggtttgg	gaagaaacaa	agccatgcct	gtcctgcct	ctctcccaac	6565


```

atgtttccag caagtagatg cccctgtgtg tgttttccct tgccttgttt cctgccttat 6625
atcttgtaatt tcgacttaatt acagagttga gggttcttgc ttaatttaga tcaagtataa 6685
aatttgtaatg acttcaagtc tcattttatc tgaagggttt ttttctcatt taatctgatg 6745
tggcattttc gtcactctgaa gcatgagtga caagttggga atgatgtggg gatttagaat 6805
gcagtattgg ccaagtccaa gttgtcaact taagcgtctg tttaccaaag accgggaaca 6865
ggggcccaaa catgtccagt cctcttcttc cctctgctgg aacctttggg gacactcaag 6925
ggtagagttt gacactgac tgggtccatga ggctgcccag agaaagcact gcttctgtat 6985
gtctcttggt gtattggaac aataaacccg tacaacctgc a 7026

```

```

<210> 48
<211> 1541
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 48

```

```

Met Lys Asp Lys Gln Lys Lys Lys Lys Glu Arg Thr Trp Ala Glu Ala
1          5          10          15

```

```

Ala Arg Leu Val Leu Glu Asn Tyr Ser Asp Ala Pro Met Thr Pro Lys
          20          25          30

```

```

Gln Ile Leu Gln Val Ile Glu Ala Glu Gly Leu Lys Glu Met Arg Ser
          35          40          45

```

```

Gly Thr Ser Pro Leu Ala Cys Leu Asn Ala Met Leu His Ser Asn Ser
          50          55          60

```

```

Arg Gly Gly Glu Gly Leu Phe Tyr Lys Leu Pro Gly Arg Ile Ser Leu
          65          70          75          80

```

```

Phe Thr Leu Lys Lys Asp Ala Leu Gln Trp Ser Arg His Pro Ala Thr
          85          90          95

```

```

Val Glu Gly Glu Glu Pro Glu Asp Thr Ala Asp Val Glu Ser Cys Gly
          100          105          110

```

Ser	Asn	Glu	Ala	Ser	Thr	Val	Ser	Gly	Glu	Asn	Asp	Val	Ser	Leu	Asp	115	120	125	
Glu	Thr	Ser	Ser	Asn	Ala	Ser	Cys	Ser	Thr	Glu	Ser	Gln	Ser	Arg	Pro	130	135	140	
Leu	Ser	Asn	Pro	Arg	Asp	Ser	Tyr	Arg	Ala	Ser	Ser	Gln	Ala	Asn	Lys	145	150	155	160
Gln	Lys	Lys	Lys	Thr	Gly	Val	Met	Leu	Pro	Arg	Val	Val	Leu	Thr	Pro	165	170	175	
Leu	Lys	Val	Asn	Gly	Ala	His	Val	Glu	Ser	Ala	Ser	Gly	Phe	Ser	Gly	180	185	190	
Cys	His	Ala	Asp	Gly	Glu	Ser	Gly	Ser	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly	195	200	205	
Ser	Leu	Ala	Leu	Gly	Ser	Ala	Ala	Ile	Arg	Gly	Gln	Ala	Glu	Val	Thr	210	215	220	
Gln	Asp	Pro	Ala	Pro	Leu	Leu	Arg	Gly	Phe	Arg	Lys	Pro	Ala	Thr	Gly	225	230	235	240
Gln	Met	Lys	Arg	Asn	Arg	Gly	Glu	Glu	Ile	Asp	Phe	Glu	Thr	Pro	Gly	245	250	255	
Ser	Ile	Leu	Val	Asn	Thr	Asn	Leu	Arg	Ala	Leu	Ile	Asn	Ser	Arg	Thr	260	265	270	
Phe	His	Ala	Leu	Pro	Ser	His	Phe	Gln	Gln	Gln	Leu	Leu	Phe	Leu	Leu	275	280	285	
Pro	Glu	Val	Asp	Arg	Gln	Val	Gly	Thr	Asp	Gly	Leu	Leu	Arg	Leu	Ser	290	295	300	

Ser Ser Ala Leu Asn Asn Glu Phe Phe Thr His Ala Ala Gln Ser Trp
305 310 315 320

Arg Glu Arg Leu Ala Asp Gly Glu Phe Thr His Glu Met Gln Val Arg
325 330 335

Ile Arg Gln Glu Met Glu Lys Glu Lys Lys Val Glu Gln Trp Lys Glu
340 345 350

Lys Phe Phe Glu Asp Tyr Tyr Gly Gln Lys Leu Gly Leu Thr Lys Glu
355 360 365

Glu Ser Leu Gln Gln Asn Val Gly Gln Glu Glu Ala Glu Ile Lys Ser
370 375 380

Gly Leu Cys Val Pro Gly Glu Ser Val Arg Ile Gln Arg Gly Pro Ala
385 390 395 400

Thr Arg Gln Arg Asp Gly His Phe Lys Lys Arg Ser Arg Pro Asp Leu
405 410 415

Arg Thr Arg Ala Arg Arg Asn Leu Tyr Lys Lys Gln Glu Ser Glu Gln
420 425 430

Ala Gly Val Ala Lys Asp Ala Lys Ser Val Ala Ser Asp Val Pro Leu
435 440 445

Tyr Lys Asp Gly Glu Ala Lys Thr Asp Pro Ala Gly Leu Ser Ser Pro
450 455 460

His Leu Pro Gly Thr Ser Ser Ala Ala Pro Asp Leu Glu Gly Pro Glu
465 470 475 480

Phe Pro Val Glu Ser Val Ala Ser Arg Ile Gln Ala Glu Pro Asp Asn
485 490 495

Leu Ala Arg Ala Ser Ala Ser Pro Asp Arg Ile Pro Ser Leu Pro Gln
500 505 510

Glu Thr Val Asp Gln Glu Pro Lys Asp Gln Lys Arg Lys Ser Phe Glu
515 520 525

Gln Ala Ala Ser Ala Ser Phe Pro Glu Lys Lys Pro Arg Leu Glu Asp
530 535 540

Arg Gln Ser Phe Arg Asn Thr Ile Glu Ser Val His Thr Glu Lys Pro
545 550 555 560

Gln Pro Thr Lys Glu Glu Pro Lys Val Pro Pro Ile Arg Ile Gln Leu
565 570 575

Ser Arg Ile Lys Pro Pro Trp Val Val Lys Gly Gln Pro Thr Tyr Gln
580 585 590

Ile Cys Pro Arg Ile Ile Pro Thr Thr Glu Ser Ser Cys Arg Gly Trp
595 600 605

Thr Gly Ala Arg Thr Leu Ala Asp Ile Lys Ala Arg Ala Leu Gln Val
610 615 620

Arg Gly Ala Arg Gly His His Cys His Arg Glu Ala Ala Thr Thr Ala
625 630 635 640

Ile Gly Gly Gly Gly Gly Pro Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Thr Asp
645 650 655

Glu Gly Gly Gly Arg Gly Ser Ser Ser Gly Asp Gly Gly Glu Ala Cys
660 665 670

Gly His Pro Glu Pro Arg Gly Gly Pro Ser Thr Pro Gly Lys Cys Thr
675 680 685

Ser Asp Leu Gln Arg Thr Gln Leu Leu Pro Pro Tyr Pro Leu Asn Gly
690 695 700

Glu His Thr Gln Ala Gly Thr Ala Met Ser Arg Ala Arg Arg Glu Asp
705 710 715 720

Leu Pro Ser Leu Arg Lys Glu Glu Ser Cys Leu Leu Gln Arg Ala Thr
725 730 735

Val Gly Leu Thr Asp Gly Leu Gly Asp Ala Ser Gln Leu Pro Val Ala
740 745 750

Pro Thr Gly Asp Gln Pro Cys Gln Ala Leu Pro Leu Leu Ser Ser Gln
755 760 765

Thr Ser Val Ala Glu Arg Leu Val Glu Gln Pro Gln Leu His Pro Asp
770 775 780

Val Arg Thr Glu Cys Glu Ser Gly Thr Thr Ser Trp Glu Ser Asp Asp
785 790 795 800

Glu Glu Gln Gly Pro Thr Val Pro Ala Asp Asn Gly Pro Ile Pro Ser
805 810 815

Leu Val Gly Asp Asp Thr Leu Glu Lys Gly Thr Gly Gln Ala Leu Asp
820 825 830

Ser His Pro Thr Met Lys Asp Pro Val Asn Val Thr Pro Ser Ser Thr
835 840 845

Pro Glu Ser Ser Pro Thr Asp Cys Leu Gln Asn Arg Ala Phe Asp Asp
850 855 860

Glu Leu Gly Leu Gly Gly Ser Cys Pro Pro Met Arg Glu Ser Asp Thr
865 870 875 880

Arg Gln Glu Asn Leu Lys Thr Lys Ala Leu Val Ser Asn Ser Ser Leu
885 890 895

His Trp Ile Pro Ile Pro Ser Asn Asp Glu Val Val Lys Gln Pro Lys
900 905 910

Pro Glu Ser Arg Glu His Ile Pro Ser Val Glu Pro Gln Val Gly Glu
915 920 925

Glu Trp Glu Lys Ala Ala Pro Thr Pro Pro Ala Leu Pro Gly Asp Leu
930 935 940

Thr Ala Glu Glu Gly Leu Asp Pro Leu Asp Ser Leu Thr Ser Leu Trp
945 950 955 960

Thr Val Pro Ser Arg Gly Gly Ser Asp Ser Asn Gly Ser Tyr Cys Gln
965 970 975

Gln Val Asp Ile Glu Lys Leu Lys Ile Asn Gly Asp Ser Glu Ala Leu
980 985 990

Ser Pro His Gly Glu Ser Thr Asp Thr Ala Ser Asp Phe Glu Gly His
995 1000 1005

Leu Thr Glu Asp Ser Ser Glu Ala Asp Thr Arg Glu Ala Ala Val
1010 1015 1020

Thr Lys Gly Ser Ser Val Asp Lys Asp Glu Lys Pro Asn Trp Asn
1025 1030 1035

Gln Ser Ala Pro Leu Ser Lys Val Asn Gly Asp Met Arg Leu Val
1040 1045 1050

Thr Arg Thr Asp Gly Met Val Ala Pro Gln Ser Trp Val Ser Arg
1055 1060 1065

Val Cys Ala Val Arg Gln Lys Ile Pro Asp Ser Leu Leu Leu Ala
1070 1075 1080

Ser Thr Glu Tyr Gln Pro Arg Ala Val Cys Leu Ser Met Pro Gly
1085 1090 1095

Ser Ser Val Glu Ala Thr Asn Pro Leu Val Met Gln Leu Leu Gln
1100 1105 1110

Gly Ser Leu Pro Leu Glu Lys Val Leu Pro Pro Ala His Asp Asp
1115 1120 1125

Ser Met Ser Glu Ser Pro Gln Val Pro Leu Thr Lys Asp Gln Ser
1130 1135 1140

His Gly Ser Leu Arg Met Gly Ser Leu His Gly Leu Gly Lys Asn
1145 1150 1155

Ser Gly Met Val Asp Gly Ser Ser Pro Ser Ser Leu Arg Ala Leu
1160 1165 1170

Lys Glu Pro Leu Leu Pro Asp Ser Cys Glu Thr Gly Thr Gly Leu
1175 1180 1185

Ala Arg Ile Glu Ala Thr Gln Ala Pro Gly Ala Pro Gln Lys Asn
1190 1195 1200

Cys Lys Ala Val Pro Ser Phe Asp Ser Leu His Pro Val Thr Asn
1205 1210 1215

Pro Ile Thr Ser Ser Arg Lys Leu Glu Glu Met Asp Ser Lys Glu
1220 1225 1230

Gln Phe Ser Ser Phe Ser Cys Glu Asp Gln Lys Glu Val Arg Ala
1235 1240 1245

Met Ser Gln Asp Ser Asn Ser Asn Ala Ala Pro Gly Lys Ser Pro
1250 1255 1260

Gly Asp Leu Thr Thr Ser Arg Thr Pro Arg Phe Ser Ser Pro Asn
1265 1270 1275

Val Ile Ser Phe Gly Pro Glu Gln Thr Gly Arg Ala Leu Gly Asp
1280 1285 1290

Gln	Ser	Asn	Val	Thr	Gly	Gln	Gly	Lys	Lys	Leu	Phe	Gly	Ser	Gly
1295						1300					1305			
Asn	Val	Ala	Ala	Thr	Leu	Gln	Arg	Pro	Arg	Pro	Ala	Asp	Pro	Met
1310						1315					1320			
Pro	Leu	Pro	Ala	Glu	Ile	Pro	Pro	Val	Phe	Pro	Ser	Gly	Lys	Leu
1325						1330					1335			
Gly	Pro	Ser	Thr	Asn	Ser	Met	Ser	Gly	Gly	Val	Gln	Thr	Pro	Arg
1340						1345					1350			
Glu	Asp	Trp	Ala	Pro	Lys	Pro	His	Ala	Phe	Val	Gly	Ser	Val	Lys
1355						1360					1365			
Asn	Glu	Lys	Thr	Phe	Val	Gly	Gly	Pro	Leu	Lys	Ala	Asn	Ala	Glu
1370						1375					1380			
Asn	Arg	Lys	Ala	Thr	Gly	His	Ser	Pro	Leu	Glu	Leu	Val	Gly	His
1385						1390					1395			
Leu	Glu	Gly	Met	Pro	Phe	Val	Met	Asp	Leu	Pro	Phe	Trp	Lys	Leu
1400						1405					1410			
Pro	Arg	Glu	Pro	Gly	Lys	Gly	Leu	Ser	Glu	Pro	Leu	Glu	Pro	Ser
1415						1420					1425			
Ser	Leu	Pro	Ser	Gln	Leu	Ser	Ile	Lys	Gln	Ala	Phe	Tyr	Gly	Lys
1430						1435					1440			
Leu	Ser	Lys	Leu	Gln	Leu	Ser	Ser	Thr	Ser	Phe	Asn	Tyr	Ser	Ser
1445						1450					1455			
Ser	Ser	Pro	Thr	Phe	Pro	Lys	Gly	Leu	Ala	Gly	Ser	Val	Val	Gln
1460						1465					1470			

Leu Ser His Lys Ala Asn Phe Gly Ala Ser His Ser Ala Ser Leu
1475 1480 1485

Ser Leu Gln Met Phe Thr Asp Ser Ser Thr Val Glu Ser Ile Ser
1490 1495 1500

Leu Gln Cys Ala Cys Ser Leu Lys Ala Met Ile Met Cys Gln Gly
1505 1510 1515

Cys Gly Ala Phe Cys His Asp Asp Cys Ile Gly Pro Ser Lys Leu
1520 1525 1530

Cys Val Leu Cys Leu Val Val Arg
1535 1540

<210> 49
<211> 3124
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (313)..(1731)
<223>

<400> 49
taagatccac atcagctcaa ctgcacttgc ctcgcagagg cagcccgcctc acttcccgcg 60
gagggcgctcc ccggcgccgc gctccgcggc agccgcctgc ccccggcgct gccccgcgcc 120
gccgcgccgc cgccgccgc ggcacgcgc cgccccgcag ctctgggctt cctcttcgcc 180
cgggttggcgt tggggccgcg cgggcgcctc ggtgactgca gctgctcagc tcccctcccc 240
cgccccgcgc cgccgcggccg ccgctcgctt cgcacagggc tggatggttg tattgggcag 300
ggtggctcca gg atg tta gga act gtg aag atg gaa ggg cat gaa acc agc 351
Met Leu Gly Thr Val Lys Met Glu Gly His Glu Thr Ser
1 5 10
gac tgg aac agc tac tac gca gac acg cag gag gcc tac tcc tcc gtc 399
Asp Trp Asn Ser Tyr Tyr Ala Asp Thr Gln Glu Ala Tyr Ser Ser Val
15 20 25
ccg gtc agc aac atg aac tca ggc ctg ggc tcc atg aac tcc atg aac 447

Pro	Val	Ser	Asn	Met	Asn	Ser	Gly	Leu	Gly	Ser	Met	Asn	Ser	Met	Asn	
30					35					40					45	
acc	tac	atg	acc	atg	aac	acc	atg	act	acg	agg	ggc	aac	atg	acc	ccg	495
Thr	Tyr	Met	Thr	Met	Asn	Thr	Met	Thr	Thr	Ser	Gly	Asn	Met	Thr	Pro	
				50					55					60		
gcg	tcc	ttc	aac	atg	tcc	tat	gcc	aac	ccg	ggc	cta	ggg	gcc	ggc	ctg	543
Ala	Ser	Phe	Asn	Met	Ser	Tyr	Ala	Asn	Pro	Gly	Leu	Gly	Ala	Gly	Leu	
			65					70					75			
agt	ccc	ggc	gca	gta	gcc	ggc	atg	ccg	ggg	ggc	tcg	gcg	ggc	gcc	atg	591
Ser	Pro	Gly	Ala	Val	Ala	Gly	Met	Pro	Gly	Gly	Ser	Ala	Gly	Ala	Met	
		80					85					90				
aac	agg	atg	act	gcg	gcc	ggc	gtg	acg	gcc	atg	ggg	acg	gcg	ctg	agg	639
Asn	Ser	Met	Thr	Ala	Ala	Gly	Val	Thr	Ala	Met	Gly	Thr	Ala	Leu	Ser	
	95					100					105					
ccg	agg	ggc	atg	ggc	gcc	atg	ggg	gcg	cag	cag	gcg	gcc	tcc	atg	aat	687
Pro	Ser	Gly	Met	Gly	Ala	Met	Gly	Ala	Gln	Gln	Ala	Ala	Ser	Met	Asn	
110					115					120					125	
ggc	ctg	ggc	ccc	tac	gcg	ggc	ggc	atg	aac	ccg	tgc	atg	agg	ccc	atg	735
Gly	Leu	Gly	Pro	Tyr	Ala	Ala	Ala	Met	Asn	Pro	Cys	Met	Ser	Pro	Met	
				130					135					140		
gcg	tac	gcg	ccg	tcc	aac	ctg	ggc	cgc	agg	cgc	gcg	ggc	ggc	ggc	ggc	783
Ala	Tyr	Ala	Pro	Ser	Asn	Leu	Gly	Arg	Ser	Arg	Ala	Gly	Gly	Gly	Gly	
			145					150					155			
gac	gcc	aag	acg	ttc	aag	cgc	agg	tac	ccg	cac	gcc	aag	ccg	ccc	tac	831
Asp	Ala	Lys	Thr	Phe	Lys	Arg	Ser	Tyr	Pro	His	Ala	Lys	Pro	Pro	Tyr	
		160					165					170				
tcg	tac	atc	tcg	ctc	atc	acc	atg	gcc	atc	cag	cag	gcg	ccc	agg	aag	879
Ser	Tyr	Ile	Ser	Leu	Ile	Thr	Met	Ala	Ile	Gln	Gln	Ala	Pro	Ser	Lys	
	175					180					185					
atg	ctc	acg	ctg	agg	gag	atc	tac	cag	tgg	atc	atg	gac	ctc	ttc	ccc	927
Met	Leu	Thr	Leu	Ser	Glu	Ile	Tyr	Gln	Trp	Ile	Met	Asp	Leu	Phe	Pro	
190					195				200						205	
tat	tac	cgg	cag	aac	cag	cag	cgc	tgg	cag	aac	tcc	atc	cgc	cac	tcg	975
Tyr	Tyr	Arg	Gln	Asn	Gln	Gln	Arg	Trp	Gln	Asn	Ser	Ile	Arg	His	Ser	
			210					215					220			
ctg	tcc	ttc	aat	gac	tgc	ttc	gtc	aag	gtg	gca	cgc	tcc	ccg	gac	aag	1023
Leu	Ser	Phe	Asn	Asp	Cys	Phe	Val	Lys	Val	Ala	Arg	Ser	Pro	Asp	Lys	
			225					230					235			

ccg ggc aag ggc tcc tac tgg acg ctg cac ccg gac tcc ggc aac atg	1071
Pro Gly Lys Gly Ser Tyr Trp Thr Leu His Pro Asp Ser Gly Asn Met	
240 245 250	
ttc gag aac ggc tgc tac ttg cgc cgc cag aag cgc ttc aag tgc gag	1119
Phe Glu Asn Gly Cys Tyr Leu Arg Arg Gln Lys Arg Phe Lys Cys Glu	
255 260 265	
aag cag ccg ggg gcc ggc ggc ggg ggc ggg agc gga agc ggg ggc agc	1167
Lys Gln Pro Gly Ala Gly Gly Gly Gly Gly Ser Gly Ser Gly Gly Ser	
270 275 280 285	
ggc gcc aag ggc ggc cct gag agc cgc aag gac ccc tct ggc gcc tct	1215
Gly Ala Lys Gly Gly Pro Glu Ser Arg Lys Asp Pro Ser Gly Ala Ser	
290 295 300	
aac ccc agc gcc gac tcg ccc ctc cat cgg ggt gtg cac ggg aag acc	1263
Asn Pro Ser Ala Asp Ser Pro Leu His Arg Gly Val His Gly Lys Thr	
305 310 315	
ggc cag cta gag ggc gcg ccg gcc ccc ggg ccc gcc gcc agc ccc cag	1311
Gly Gln Leu Glu Gly Ala Pro Ala Pro Gly Pro Ala Ala Ser Pro Gln	
320 325 330	
act ctg gac cac agt ggg gcg acg gcg aca ggg ggc gcc tcg gag ttg	1359
Thr Leu Asp His Ser Gly Ala Thr Ala Thr Gly Gly Ala Ser Glu Leu	
335 340 345	
aag act cca gcc tcc tca act gcg ccc ccc ata agc tcc ggg ccc ggg	1407
Lys Thr Pro Ala Ser Ser Thr Ala Pro Pro Ile Ser Ser Gly Pro Gly	
350 355 360 365	
gcg ctg gcc tct gtg ccc gcc tct cac ccg gca cac ggc ttg gca ccc	1455
Ala Leu Ala Ser Val Pro Ala Ser His Pro Ala His Gly Leu Ala Pro	
370 375 380	
cac gag tcc cag ctg cac ctg aaa ggg gac ccc cac tac tcc ttc aac	1503
His Glu Ser Gln Leu His Leu Lys Gly Asp Pro His Tyr Ser Phe Asn	
385 390 395	
cac ccg ttc tcc atc aac aac ctc atg tcc tcc tcg gag cag cag cat	1551
His Pro Phe Ser Ile Asn Asn Leu Met Ser Ser Ser Glu Gln Gln His	
400 405 410	
aag ctg gac ttc aag gca tac gaa cag gca ctg caa tac tcg cct tac	1599
Lys Leu Asp Phe Lys Ala Tyr Glu Gln Ala Leu Gln Tyr Ser Pro Tyr	
415 420 425	
ggc tct acg ttg ccc gcc agc ctg cct cta ggc agc gcc tcg gtg acc	1647

t c t t t g c t t t c t c a a t g t t a a t t t a t t g c a t g g t t t a t t c t t t t t c t t t a c a g c t g a a a t 2941

```

tgcttttaaat gatgggttaaa attacaaatt aaattgttaa tttttatcaa tgtgattgta      3001
attaaaaata ttttgattta aataacaaaa ataataccag attttaagcc gtggaaaatg      3061
ttcttgatca tttgcagtta aggactttta ataaatcaaa tgttaacaaa aaaaaaaaaa      3121
aaa                                             3124

```

```

<210> 50
<211> 472
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 50

```

```

Met Leu Gly Thr Val Lys Met Glu Gly His Glu Thr Ser Asp Trp Asn
1              5              10              15

```

```

Ser Tyr Tyr Ala Asp Thr Gln Glu Ala Tyr Ser Ser Val Pro Val Ser
                20              25              30

```

```

Asn Met Asn Ser Gly Leu Gly Ser Met Asn Ser Met Asn Thr Tyr Met
    35              40              45

```

```

Thr Met Asn Thr Met Thr Thr Ser Gly Asn Met Thr Pro Ala Ser Phe
    50              55              60

```

```

Asn Met Ser Tyr Ala Asn Pro Gly Leu Gly Ala Gly Leu Ser Pro Gly
65              70              75              80

```

```

Ala Val Ala Gly Met Pro Gly Gly Ser Ala Gly Ala Met Asn Ser Met
            85              90              95

```

```

Thr Ala Ala Gly Val Thr Ala Met Gly Thr Ala Leu Ser Pro Ser Gly
    100              105              110

```

```

Met Gly Ala Met Gly Ala Gln Gln Ala Ala Ser Met Asn Gly Leu Gly
    115              120              125

```

```

Pro Tyr Ala Ala Ala Met Asn Pro Cys Met Ser Pro Met Ala Tyr Ala

```

130

135

140

Pro	Ser	Asn	Leu	Gly	Arg	Ser	Arg	Ala	Gly	Gly	Gly	Gly	Asp	Ala	Lys
145					150					155					160

Thr	Phe	Lys	Arg	Ser	Tyr	Pro	His	Ala	Lys	Pro	Pro	Tyr	Ser	Tyr	Ile
				165					170					175	

Ser	Leu	Ile	Thr	Met	Ala	Ile	Gln	Gln	Ala	Pro	Ser	Lys	Met	Leu	Thr
			180					185					190		

Leu	Ser	Glu	Ile	Tyr	Gln	Trp	Ile	Met	Asp	Leu	Phe	Pro	Tyr	Tyr	Arg
		195					200					205			

Gln	Asn	Gln	Gln	Arg	Trp	Gln	Asn	Ser	Ile	Arg	His	Ser	Leu	Ser	Phe
	210					215					220				

Asn	Asp	Cys	Phe	Val	Lys	Val	Ala	Arg	Ser	Pro	Asp	Lys	Pro	Gly	Lys
225					230					235					240

Gly	Ser	Tyr	Trp	Thr	Leu	His	Pro	Asp	Ser	Gly	Asn	Met	Phe	Glu	Asn
				245					250					255	

Gly	Cys	Tyr	Leu	Arg	Arg	Gln	Lys	Arg	Phe	Lys	Cys	Glu	Lys	Gln	Pro
			260					265					270		

Gly	Ala	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Gly	Ser	Gly	Ala	Lys
		275					280					285			

Gly	Gly	Pro	Glu	Ser	Arg	Lys	Asp	Pro	Ser	Gly	Ala	Ser	Asn	Pro	Ser
	290					295					300				

Ala	Asp	Ser	Pro	Leu	His	Arg	Gly	Val	His	Gly	Lys	Thr	Gly	Gln	Leu
305					310					315					320

Glu	Gly	Ala	Pro	Ala	Pro	Gly	Pro	Ala	Ala	Ser	Pro	Gln	Thr	Leu	Asp
				325					330					335	

His Ser Gly Ala Thr Ala Thr Gly Gly Ala Ser Glu Leu Lys Thr Pro
340 345 350

Ala Ser Ser Thr Ala Pro Pro Ile Ser Ser Gly Pro Gly Ala Leu Ala
355 360 365

Ser Val Pro Ala Ser His Pro Ala His Gly Leu Ala Pro His Glu Ser
370 375 380

Gln Leu His Leu Lys Gly Asp Pro His Tyr Ser Phe Asn His Pro Phe
385 390 395 400

Ser Ile Asn Asn Leu Met Ser Ser Ser Glu Gln Gln His Lys Leu Asp
405 410 415

Phe Lys Ala Tyr Glu Gln Ala Leu Gln Tyr Ser Pro Tyr Gly Ser Thr
420 425 430

Leu Pro Ala Ser Leu Pro Leu Gly Ser Ala Ser Val Thr Thr Arg Ser
435 440 445

Pro Ile Glu Pro Ser Ala Leu Glu Pro Ala Tyr Tyr Gln Gly Val Tyr
450 455 460

Ser Arg Pro Val Leu Asn Thr Ser
465 470

<210> 51
<211> 3780
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (960)..(2282)
<223>

<400> 51
agagcgcctgc cgccgccgct ttcgcccggg agccgggggc cgggcgccat catgctgagc 60

cggctcgggg cgctgctgca ggaagccgtg ggggcgcgcg agcccagcat tgacctgctg	120
caggccttcg tggagcactg gaagggcatac acgcactact acatcgagag cacagatgaa	180
agcacccccg ccaagaagac agacattccc tggcggctga agcagatgct ggatatcctg	240
gtgtatgaag agcagcagca ggcggccgcg ggtgaggcag ggccctgcct ggagtacctg	300
ctgcagcaca agatccttga gactctctgc acgctgggca aggccgagta ccccccaggc	360
atgcggcagc aggtgttcca gttcttcagc aaggttctgg cgcagggtgca gcaccccctg	420
ctgcattacc tcagcgcca caggcctgtg cagaaactcc tccgacttgg tgggactgct	480
tccggatccg ttacagaaaa ggaggagggtg cagtccacca ccgtcctctg ctccaagatc	540
cagcaggacc cagagctgct cgcctacatc ctggaaggta aaaagattgt aggtaggaag	600
aaagcatgcg gagaacccac tgccctgcct aaggacacaa ccagccacgg ggacaaggac	660
tgetcccacg atggtgctcc tgccaggccc cagctggacg gggagtcctg tggggcccag	720
gccttgaaca gccacatgcc tgctgagacc gaggagctgg acggtgggac cacagagagc	780
aaectgatta cctccctgct tgggctgtgc cagagcaaga agagtcgggt ggccttgaag	840
gcccaggaga acctgctgct cctgggtgagc atggcctccc cagcagctgc cacctacctg	900
gtacagagca gcgcctgctg ccctgcgata gtccggcact ttgccagttg taccggctcc	959
atg cct gtc ttc ctg gac ccc gca gac att gcc acc tta gag ggc atc	1007
Met Pro Val Phe Leu Asp Pro Ala Asp Ile Ala Thr Leu Glu Gly Ile	
1 5 10 15	
agc tgg agg tta ccc agt gcc ccg tct gat gag gct tcc ttc cct ggc	1055
Ser Trp Arg Leu Pro Ser Ala Pro Ser Asp Glu Ala Ser Phe Pro Gly	
20 25 30	
aag gag gcc ttg gct gcc ttc ttg ggc tgg ttt gat tac tgc gac cac	1103
Lys Glu Ala Leu Ala Ala Phe Leu Gly Trp Phe Asp Tyr Cys Asp His	
35 40 45	
ctc atc aca gag gca cac acg gtg gtt gcg gac gcc ttg gcg aag gct	1151
Leu Ile Thr Glu Ala His Thr Val Val Ala Asp Ala Leu Ala Lys Ala	
50 55 60	
gtg gct gag aac ttc ttc gtg gag acc ctg cag ccc cag ctc ctg cac	1199
Val Ala Glu Asn Phe Phe Val Glu Thr Leu Gln Pro Gln Leu Leu His	
65 70 75 80	

gtg	tcc	gag	cag	agc	atc	ttg	acc	tcc	acc	gcc	ctc	ctc	aca	gcc	atg	1247
Val	Ser	Glu	Gln	Ser	Ile	Leu	Thr	Ser	Thr	Ala	Leu	Leu	Thr	Ala	Met	
				85					90					95		
ctg	cgc	cag	ctt	cgc	tcc	cct	gcg	ctg	ctg	cgg	gag	gcc	gtg	gct	ttc	1295
Leu	Arg	Gln	Leu	Arg	Ser	Pro	Ala	Leu	Leu	Arg	Glu	Ala	Val	Ala	Phe	
		100						105					110			
ctc	ctg	ggc	aca	gac	cgg	cag	cct	gaa	gcc	ccc	ggg	gac	aac	ccc	cac	1343
Leu	Leu	Gly	Thr	Asp	Arg	Gln	Pro	Glu	Ala	Pro	Gly	Asp	Asn	Pro	His	
		115					120					125				
acc	ctg	tat	gct	cat	ctc	atc	ggg	cat	tgt	gac	cac	ctc	tct	gat	gag	1391
Thr	Leu	Tyr	Ala	His	Leu	Ile	Gly	His	Cys	Asp	His	Leu	Ser	Asp	Glu	
	130					135					140					
atc	agc	atc	acc	aca	ctc	cgg	ctg	ttt	gag	gag	ctg	ctg	cag	aag	ccc	1439
Ile	Ser	Ile	Thr	Thr	Leu	Arg	Leu	Phe	Glu	Glu	Leu	Leu	Gln	Lys	Pro	
145					150					155					160	
cac	gag	ggg	atc	atc	cac	agc	ctg	gtc	ctg	cgc	aac	ctt	gag	ggc	cgc	1487
His	Glu	Gly	Ile	Ile	His	Ser	Leu	Val	Leu	Arg	Asn	Leu	Glu	Gly	Arg	
			165					170						175		
cct	tac	gtg	gcc	tgg	ggc	tca	cca	gag	cct	gag	agc	tat	gag	gac	acc	1535
Pro	Tyr	Val	Ala	Trp	Gly	Ser	Pro	Glu	Pro	Glu	Ser	Tyr	Glu	Asp	Thr	
		180						185					190			
cta	gac	ctg	gag	gaa	gac	ccc	tac	ttc	acc	gac	agc	ttc	ctg	gat	tcc	1583
Leu	Asp	Leu	Glu	Glu	Asp	Pro	Tyr	Phe	Thr	Asp	Ser	Phe	Leu	Asp	Ser	
	195						200					205				
ggc	ttt	caa	act	ccc	gca	aag	cct	cgc	cta	gct	cct	gct	acc	agt	tac	1631
Gly	Phe	Gln	Thr	Pro	Ala	Lys	Pro	Arg	Leu	Ala	Pro	Ala	Thr	Ser	Tyr	
	210					215					220					
gat	ggc	aaa	aca	gca	gtg	acc	gag	atc	gtc	aac	agt	ttc	ctg	tgc	ctg	1679
Asp	Gly	Lys	Thr	Ala	Val	Thr	Glu	Ile	Val	Asn	Ser	Phe	Leu	Cys	Leu	
225					230					235					240	
gtc	ccc	gag	gaa	gcc	aag	acc	tct	gcc	ttc	ctg	gag	gag	aca	ggc	tat	1727
Val	Pro	Glu	Glu	Ala	Lys	Thr	Ser	Ala	Phe	Leu	Glu	Glu	Thr	Gly	Tyr	
				245					250					255		
gac	aca	tac	gtc	cac	gat	gct	tat	ggc	ctg	ttc	cag	gag	tgc	agc	tcc	1775
Asp	Thr	Tyr	Val	His	Asp	Ala	Tyr	Gly	Leu	Phe	Gln	Glu	Cys	Ser	Ser	
			260					265					270			
cgc	gtc	gcc	tcc	tgg	ggc	tgg	cct	ctg	acc	ccc	aca	cct	ttg	gac	ccc	1823
Arg	Val	Ala	Ser	Trp	Gly	Trp	Pro	Leu	Thr	Pro	Thr	Pro	Leu	Asp	Pro	

275	280	285	
cat gag ccc gag cga cct ttc ttc gag ggc cac ttc ctc cga gtg ctg			1871
His Glu Pro Glu Arg Pro Phe Phe Glu Gly His Phe Leu Arg Val Leu			
290	295	300	
ttt gac cgc atg tcc cgg att ctg gat cag cca tac agc ctg aac ctg			1919
Phe Asp Arg Met Ser Arg Ile Leu Asp Gln Pro Tyr Ser Leu Asn Leu			
305	310	315	320
cag gtg acc tcg gtc ctg tcc cgg ctt gcc ctc ttc ccc cac ccc cat			1967
Gln Val Thr Ser Val Leu Ser Arg Leu Ala Leu Phe Pro His Pro His			
	325	330	335
att cat gag tac ctg ctg gat ccg tac atc agc ctg gcc ccc ggc tgc			2015
Ile His Glu Tyr Leu Leu Asp Pro Tyr Ile Ser Leu Ala Pro Gly Cys			
	340	345	350
agg agc cta ttc tcc gtg ttg gtg agg gtg atc ggg gac ttg atg cag			2063
Arg Ser Leu Phe Ser Val Leu Val Arg Val Ile Gly Asp Leu Met Gln			
	355	360	365
aga atc cag agg gta ccc cag ttc cca ggc aag ctg ctc ctg gtg cgc			2111
Arg Ile Gln Arg Val Pro Gln Phe Pro Gly Lys Leu Leu Leu Val Arg			
	370	375	380
aag cag ttg acg ggc cag gct cct ggg gag cag ctg gac cac cag acc			2159
Lys Gln Leu Thr Gly Gln Ala Pro Gly Glu Gln Leu Asp His Gln Thr			
385	390	395	400
ctc ctc cag ggc gtg gtg gtg ctg gag gag ttc tgc aag gag ctg gct			2207
Leu Leu Gln Gly Val Val Val Leu Glu Glu Phe Cys Lys Glu Leu Ala			
	405	410	415
gcc att gcc ttc gtc aag ttt ccc cca cat gat cct cgc cag aac gtc			2255
Ala Ile Ala Phe Val Lys Phe Pro Pro His Asp Pro Arg Gln Asn Val			
	420	425	430
tcc cca gcc ccg gaa ggg cag gtc tga gccagcacca gggcgggtggg			2302
Ser Pro Ala Pro Glu Gly Gln Val			
	435	440	
agaactcctgt ccacacctct gccccagagc tgcctectgc ctggcaactgc cgccacactc			2362
ccctcctggg atggggcttc tgctcccggg ctcaactcaag gagactgcgg catgttgacc			2422
acaccagact gggtttcagg gaatgggcat gccaggtgcc aaggagccaa acagatggct			2482
ttccaggcag caaggtcctt ggggccttct tggaggagct tgggtgacag ccaggtgagc			2542

accagaccc	cagaccc	tcagtgtgt	gcctggccc	ttctgtactg	gccatttgtg	2602
gccagggcca	agcctgtgac	tcaactccag	gggcaagatg	gggagtgagc	tgatggctcc	2662
gagactggtc	aggagcccag	gccagtgaga	tggggcctgg	agccttgtct	gtgtcacatt	2722
aggtagcatg	ggagctgctg	agacctgaca	ttttgtcccc	tgcttacatg	gcttggccca	2782
tggagaagga	gcagtgaatg	ggatcgtcgg	ggaagccctt	cttcctgctc	tgctccccctg	2842
gaaactgttg	caaaactccc	agccgcctca	tggcaaatgc	ccaaagcatg	ttccgcaccc	2902
aggcgggggc	ccctgcta	atgagaacctt	gtgcagctgc	agccaggagg	ggagcggggc	2962
caggagccag	gctcagggtcc	agctgggttcc	tctctggcgc	cttctgaacc	cgtctcagca	3022
ggteccacagc	acctggggcag	aggteagaga	ccaggggagg	ccggggccttg	ccctcccttc	3082
tgeccagggc	ccagtgttct	tgatagaaga	cccttctggg	gagccaggga	gctcagggga	3142
cagataaggg	aaggacgccc	cctgactcca	ggcccttgag	cctggcggga	agtggctgcg	3202
gccagggcag	ccagtcctgg	tgggtgttctc	cctgcatgcc	ctccgtggct	gggctgccac	3262
cccacccggc	ccgaatctgt	cttgacctgc	aggaatacac	gggcggcgcc	aggcattacc	3322
tcacagcggg	actacacagt	tgctggcttt	gctcctgggc	aaggaggagc	aggccagagc	3382
ctcttttgc	tcttttctt	gcccattgcc	cttctagaag	ccaggcacag	gttgccaaga	3442
ggtgacacga	aacaggagga	aactcagtga	cctctgcctc	tcccacattc	ctccccgcgg	3502
gggaggacct	cggcgctctg	aagagcaccg	tgcacatgtg	ggtgcacaaa	cgtgggtgtt	3562
ggtgtggacg	gggcgcagat	ctccgtggat	gaactgcgtc	tggactctta	gattcataaa	3622
atattcgagg	gtttgggagt	cacagacctt	ccccctctct	cagtgcactt	tggcatttgc	3682
acgggtgtctt	ccccggacag	cacagcaata	aatgggtgtga	ttgcgtggaa	aaaaaaaaaa	3742
aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa			3780

<210> 52
 <211> 440
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 52

Met	Pro	Val	Phe	Leu	Asp	Pro	Ala	Asp	Ile	Ala	Thr	Leu	Glu	Gly	Ile	
1				5					10					15		
Ser	Trp	Arg	Leu	Pro	Ser	Ala	Pro	Ser	Asp	Glu	Ala	Ser	Phe	Pro	Gly	
			20					25					30			
Lys	Glu	Ala	Leu	Ala	Ala	Phe	Leu	Gly	Trp	Phe	Asp	Tyr	Cys	Asp	His	
		35					40					45				
Leu	Ile	Thr	Glu	Ala	His	Thr	Val	Val	Ala	Asp	Ala	Leu	Ala	Lys	Ala	
	50					55					60					
Val	Ala	Glu	Asn	Phe	Phe	Val	Glu	Thr	Leu	Gln	Pro	Gln	Leu	Leu	His	
65				70						75					80	
Val	Ser	Glu	Gln	Ser	Ile	Leu	Thr	Ser	Thr	Ala	Leu	Leu	Thr	Ala	Met	
				85					90					95		
Leu	Arg	Gln	Leu	Arg	Ser	Pro	Ala	Leu	Leu	Arg	Glu	Ala	Val	Ala	Phe	
			100					105					110			
Leu	Leu	Gly	Thr	Asp	Arg	Gln	Pro	Glu	Ala	Pro	Gly	Asp	Asn	Pro	His	
		115					120					125				
Thr	Leu	Tyr	Ala	His	Leu	Ile	Gly	His	Cys	Asp	His	Leu	Ser	Asp	Glu	
	130					135					140					
Ile	Ser	Ile	Thr	Thr	Leu	Arg	Leu	Phe	Glu	Glu	Leu	Leu	Gln	Lys	Pro	
145					150					155					160	
His	Glu	Gly	Ile	Ile	His	Ser	Leu	Val	Leu	Arg	Asn	Leu	Glu	Gly	Arg	
				165					170					175		
Pro	Tyr	Val	Ala	Trp	Gly	Ser	Pro	Glu	Pro	Glu	Ser	Tyr	Glu	Asp	Thr	
			180					185					190			
Leu	Asp	Leu	Glu	Glu	Asp	Pro	Tyr	Phe	Thr	Asp	Ser	Phe	Leu	Asp	Ser	
		195				200						205				

Gly	Phe	Gln	Thr	Pro	Ala	Lys	Pro	Arg	Leu	Ala	Pro	Ala	Thr	Ser	Tyr	210	215	220	
Asp	Gly	Lys	Thr	Ala	Val	Thr	Glu	Ile	Val	Asn	Ser	Phe	Leu	Cys	Leu	225	230	235	240
Val	Pro	Glu	Glu	Ala	Lys	Thr	Ser	Ala	Phe	Leu	Glu	Glu	Thr	Gly	Tyr	245	250	255	
Asp	Thr	Tyr	Val	His	Asp	Ala	Tyr	Gly	Leu	Phe	Gln	Glu	Cys	Ser	Ser	260	265	270	
Arg	Val	Ala	Ser	Trp	Gly	Trp	Pro	Leu	Thr	Pro	Thr	Pro	Leu	Asp	Pro	275	280	285	
His	Glu	Pro	Glu	Arg	Pro	Phe	Phe	Glu	Gly	His	Phe	Leu	Arg	Val	Leu	290	295	300	
Phe	Asp	Arg	Met	Ser	Arg	Ile	Leu	Asp	Gln	Pro	Tyr	Ser	Leu	Asn	Leu	305	310	315	320
Gln	Val	Thr	Ser	Val	Leu	Ser	Arg	Leu	Ala	Leu	Phe	Pro	His	Pro	His	325	330	335	
Ile	His	Glu	Tyr	Leu	Leu	Asp	Pro	Tyr	Ile	Ser	Leu	Ala	Pro	Gly	Cys	340	345	350	
Arg	Ser	Leu	Phe	Ser	Val	Leu	Val	Arg	Val	Ile	Gly	Asp	Leu	Met	Gln	355	360	365	
Arg	Ile	Gln	Arg	Val	Pro	Gln	Phe	Pro	Gly	Lys	Leu	Leu	Leu	Val	Arg	370	375	380	
Lys	Gln	Leu	Thr	Gly	Gln	Ala	Pro	Gly	Glu	Gln	Leu	Asp	His	Gln	Thr	385	390	395	400

Leu Leu Gln Gly Val Val Val Leu Glu Glu Phe Cys Lys Glu Leu Ala
405 410 415

Ala Ile Ala Phe Val Lys Phe Pro Pro His Asp Pro Arg Gln Asn Val
420 425 430

Ser Pro Ala Pro Glu Gly Gln Val
435 440

<210> 53
<211> 1175
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (68)..(895)
<223>

<400> 53
cccggtcgcc gcggctgccg cgccgccgct gcaggatagc tagcggccag gagaaataca 60

gtggaaa atg caa aac aac gaa att ata aag cct gcc aaa tac ttc tca 109
Met Gln Asn Asn Glu Ile Ile Lys Pro Ala Lys Tyr Phe Ser
1 5 10

gaa ttg gaa aag agc atc ctg ctg gct tta gta gaa aag tat aaa tat 157
Glu Leu Glu Lys Ser Ile Leu Leu Ala Leu Val Glu Lys Tyr Lys Tyr
15 20 25 30

gtg ctg gaa tgt aag aaa agt gat gcg cga act att gcc ctt aag cag 205
Val Leu Glu Cys Lys Lys Ser Asp Ala Arg Thr Ile Ala Leu Lys Gln
35 40 45

cgt acc tgg cag gcg ctg gcc cac gaa tac aac tct cag ccc agc gtg 253
Arg Thr Trp Gln Ala Leu Ala His Glu Tyr Asn Ser Gln Pro Ser Val
50 55 60

tcc ctg cgg gat ttc aaa cag ctg aag aag tgc tgg gag aac atc aag 301
Ser Leu Arg Asp Phe Lys Gln Leu Lys Lys Cys Trp Glu Asn Ile Lys
65 70 75

gct cgg acc aaa aaa att atg gcc cat gaa agg aga gag aaa gtg aaa 349
Ala Arg Thr Lys Lys Ile Met Ala His Glu Arg Arg Glu Lys Val Lys
80 85 90

cgg agc gtc agc cct ctc ctg agt acc cac gtc cta ggg aag gag aag 397

Arg	Ser	Val	Ser	Pro	Leu	Leu	Ser	Thr	His	Val	Leu	Gly	Lys	Glu	Lys
95					100					105					110

atc	gcc	agc	atg	ctg	ccg	gag	cag	ctc	tac	ttc	ctg	cag	agc	ccc	ccg	445
Ile	Ala	Ser	Met	Leu	Pro	Glu	Gln	Leu	Tyr	Phe	Leu	Gln	Ser	Pro	Pro	
				115					120					125		

gag	gag	gag	ccc	gaa	tac	cac	ccc	gac	gcc	tca	gcc	caa	gaa	tca	ttt	493
Glu	Glu	Glu	Pro	Glu	Tyr	His	Pro	Asp	Ala	Ser	Ala	Gln	Glu	Ser	Phe	
			130					135					140			

gct	gtt	tca	aat	aga	gaa	ctg	tgc	gat	gat	gag	aaa	gag	ttc	ata	cat	541
Ala	Val	Ser	Asn	Arg	Glu	Leu	Cys	Asp	Asp	Glu	Lys	Glu	Phe	Ile	His	
		145					150					155				

ttt	cca	gta	tgt	gag	ggg	acc	tct	caa	cct	gaa	ccc	tcg	tgt	tca	gct	589
Phe	Pro	Val	Cys	Glu	Gly	Thr	Ser	Gln	Pro	Glu	Pro	Ser	Cys	Ser	Ala	
	160					165					170					

gtc	aga	ata	aca	gcc	aat	aaa	aac	tac	agg	agc	aaa	acc	tct	cag	gaa	637
Val	Arg	Ile	Thr	Ala	Asn	Lys	Asn	Tyr	Arg	Ser	Lys	Thr	Ser	Gln	Glu	
175					180					185					190	

ggg	gct	tta	aaa	aag	atg	cat	gag	gaa	gaa	cac	cat	caa	caa	atg	tcc	685
Gly	Ala	Leu	Lys	Lys	Met	His	Glu	Glu	Glu	His	His	Gln	Gln	Met	Ser	
				195					200					205		

atc	tta	caa	ctg	caa	ctg	ata	caa	atg	aat	gag	gtg	cat	gtg	gcc	aaa	733
Ile	Leu	Gln	Leu	Gln	Leu	Ile	Gln	Met	Asn	Glu	Val	His	Val	Ala	Lys	
			210					215					220			

atc	cag	cag	ata	gag	cga	gag	tgt	gag	atg	gca	gag	gag	gaa	cac	agg	781
Ile	Gln	Gln	Ile	Glu	Arg	Glu	Cys	Glu	Met	Ala	Glu	Glu	Glu	His	Arg	
		225					230					235				

ata	aaa	atg	gaa	gtt	ctc	aat	aaa	aag	aag	atg	tat	tgg	gaa	aga	aaa	829
Ile	Lys	Met	Glu	Val	Leu	Asn	Lys	Lys	Lys	Met	Tyr	Trp	Glu	Arg	Lys	
	240					245					250					

cta	caa	act	ttt	acc	aag	gaa	tgg	cct	gtt	tcc	tca	ttt	aac	cgg	ccc	877
Leu	Gln	Thr	Phe	Thr	Lys	Glu	Trp	Pro	Val	Ser	Ser	Phe	Asn	Arg	Pro	
255					260					265					270	

ttt	ccc	aat	tcg	ccc	taa	gacttttgggg	gtggctctct	tgtaattaat	925
Phe	Pro	Asn	Ser	Pro					
				275					

ctgtgttggc	aaagaatgtc	tggaacatgg	acttggcggg	cagtaacctg	taacagagct	985
------------	------------	------------	------------	------------	------------	-----

acaactagga	aaattagagt	ggtagtagtc	acttattttaa	gaattcattc	aggtaaacag	1045
------------	------------	------------	-------------	------------	------------	------

```

ctgcaccctc tgtacccctt aagtggcaaa gaagctgtta tagtcttctg aaaattatca    1105
ctatgagtgc tataattctg aatataatgt ctcttaatta gaattcatac aagaaaaaaaa    1165
aaaaaaaaaaa                                                                1175

```

```

<210> 54
<211> 275
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 54

```

```

Met Gln Asn Asn Glu Ile Ile Lys Pro Ala Lys Tyr Phe Ser Glu Leu
1          5          10          15

```

```

Glu Lys Ser Ile Leu Leu Ala Leu Val Glu Lys Tyr Lys Tyr Val Leu
          20          25          30

```

```

Glu Cys Lys Lys Ser Asp Ala Arg Thr Ile Ala Leu Lys Gln Arg Thr
          35          40          45

```

```

Trp Gln Ala Leu Ala His Glu Tyr Asn Ser Gln Pro Ser Val Ser Leu
          50          55          60

```

```

Arg Asp Phe Lys Gln Leu Lys Lys Cys Trp Glu Asn Ile Lys Ala Arg
65          70          75          80

```

```

Thr Lys Lys Ile Met Ala His Glu Arg Arg Glu Lys Val Lys Arg Ser
          85          90          95

```

```

Val Ser Pro Leu Leu Ser Thr His Val Leu Gly Lys Glu Lys Ile Ala
          100          105          110

```

```

Ser Met Leu Pro Glu Gln Leu Tyr Phe Leu Gln Ser Pro Pro Glu Glu
          115          120          125

```

```

Glu Pro Glu Tyr His Pro Asp Ala Ser Ala Gln Glu Ser Phe Ala Val
          130          135          140

```


Ser Asn Arg Glu Leu Cys Asp Asp Glu Lys Glu Phe Ile His Phe Pro
145 150 155 160

Val Cys Glu Gly Thr Ser Gln Pro Glu Pro Ser Cys Ser Ala Val Arg
165 170 175

Ile Thr Ala Asn Lys Asn Tyr Arg Ser Lys Thr Ser Gln Glu Gly Ala
180 185 190

Leu Lys Lys Met His Glu Glu Glu His His Gln Gln Met Ser Ile Leu
195 200 205

Gln Leu Gln Leu Ile Gln Met Asn Glu Val His Val Ala Lys Ile Gln
210 215 220

Gln Ile Glu Arg Glu Cys Glu Met Ala Glu Glu Glu His Arg Ile Lys
225 230 235 240

Met Glu Val Leu Asn Lys Lys Lys Met Tyr Trp Glu Arg Lys Leu Gln
245 250 255

Thr Phe Thr Lys Glu Trp Pro Val Ser Ser Phe Asn Arg Pro Phe Pro
260 265 270

Asn Ser Pro
275

<210> 55
<211> 1988
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (12)..(1805)
<223>

<400> 55
cctccgggaa g atg gcg gcc gtg cag gcg gcc gag gtg aaa gtg gat ggc
Met Ala Ala Val Gln Ala Ala Glu Val Lys Val Asp Gly

1					5					10									
agc	gag	ccg	aaa	ctg	agc	aag	aat	gag	ctg	aag	aga	cgc	ctg	aaa	gct	98			
Ser	Glu	Pro	Lys	Leu	Ser	Lys	Asn	Glu	Leu	Lys	Arg	Arg	Leu	Lys	Ala				
15					20					25									
gag	aag	aaa	gta	gca	gag	aag	gag	gcc	aaa	cag	aag	gag	ctc	agt	gag	146			
Glu	Lys	Lys	Val	Ala	Glu	Lys	Glu	Ala	Lys	Gln	Lys	Glu	Leu	Ser	Glu				
30					35					40					45				
aaa	cag	cta	agc	caa	gcc	act	gct	gct	gcc	acc	aac	cac	acc	act	gat	194			
Lys	Gln	Leu	Ser	Gln	Ala	Thr	Ala	Ala	Ala	Thr	Asn	His	Thr	Thr	Asp				
50					55					60									
aat	ggt	gtg	ggt	cct	gag	gaa	gag	agc	gtg	gac	cca	aat	caa	tac	tac	242			
Asn	Gly	Val	Gly	Pro	Glu	Glu	Glu	Ser	Val	Asp	Pro	Asn	Gln	Tyr	Tyr				
65					70					75									
aaa	atc	cgc	agt	caa	gca	att	cat	cag	ctg	aag	gtc	aat	ggg	gaa	gac	290			
Lys	Ile	Arg	Ser	Gln	Ala	Ile	His	Gln	Leu	Lys	Val	Asn	Gly	Glu	Asp				
80					85					90									
cca	tac	cca	cac	aag	ttc	cat	gta	gac	atc	tca	ctc	act	gac	ttc	atc	338			
Pro	Tyr	Pro	His	Lys	Phe	His	Val	Asp	Ile	Ser	Leu	Thr	Asp	Phe	Ile				
95					100					105									
caa	aaa	tat	agt	cac	ctg	cag	cct	ggg	gat	cac	ctg	act	gac	atc	acc	386			
Gln	Lys	Tyr	Ser	His	Leu	Gln	Pro	Gly	Asp	His	Leu	Thr	Asp	Ile	Thr				
110					115					120					125				
tta	aag	gtg	gca	ggt	agg	atc	cat	gcc	aaa	aga	gct	tct	ggg	gga	aag	434			
Leu	Lys	Val	Ala	Gly	Arg	Ile	His	Ala	Lys	Arg	Ala	Ser	Gly	Gly	Lys				
130					135					140									
ctc	atc	ttc	tat	gat	ctt	cga	gga	gag	ggg	gtg	aag	ttg	caa	gtc	atg	482			
Leu	Ile	Phe	Tyr	Asp	Leu	Arg	Gly	Glu	Gly	Val	Lys	Leu	Gln	Val	Met				
145					150					155									
gcc	aat	tcc	aga	aat	tat	aaa	tca	gaa	gaa	gaa	ttt	att	cat	att	aat	530			
Ala	Asn	Ser	Arg	Asn	Tyr	Lys	Ser	Glu	Glu	Glu	Phe	Ile	His	Ile	Asn				
160					165					170									
aac	aaa	ctg	cgt	cgg	gga	gac	ata	att	gga	gtt	cag	ggg	aat	cct	ggt	578			
Asn	Lys	Leu	Arg	Arg	Gly	Asp	Ile	Ile	Gly	Val	Gln	Gly	Asn	Pro	Gly				
175					180					185									
aaa	acc	aag	aag	ggt	gag	ctg	agc	atc	att	ccg	tat	gag	atc	aca	ctg	626			
Lys	Thr	Lys	Lys	Gly	Glu	Leu	Ser	Ile	Ile	Pro	Tyr	Glu	Ile	Thr	Leu				
190					195					200					205				

ctg	tct	ccc	tgt	ttg	cat	atg	tta	cct	cat	ctt	cac	ttt	ggc	ctc	aaa	674
Leu	Ser	Pro	Cys	Leu	His	Met	Leu	Pro	His	Leu	His	Phe	Gly	Leu	Lys	
			210						215					220		
gac	aag	gaa	aca	agg	tat	cgc	cag	aga	tac	ttg	gac	ttg	atc	ctg	aat	722
Asp	Lys	Glu	Thr	Arg	Tyr	Arg	Gln	Arg	Tyr	Leu	Asp	Leu	Ile	Leu	Asn	
			225					230					235			
gac	ttt	gtg	agg	cag	aaa	ttt	atc	atc	cgc	tct	aag	atc	atc	aca	tat	770
Asp	Phe	Val	Arg	Gln	Lys	Phe	Ile	Ile	Arg	Ser	Lys	Ile	Ile	Thr	Tyr	
		240					245					250				
ata	aga	agt	ttc	tta	gat	gag	ctg	gga	ttc	cta	gag	att	gaa	act	ccc	818
Ile	Arg	Ser	Phe	Leu	Asp	Glu	Leu	Gly	Phe	Leu	Glu	Ile	Glu	Thr	Pro	
	255					260					265					
atg	atg	aac	atc	atc	cca	ggg	gga	gcc	gtg	gcc	aag	cct	ttc	atc	act	866
Met	Met	Asn	Ile	Ile	Pro	Gly	Gly	Ala	Val	Ala	Lys	Pro	Phe	Ile	Thr	
270					275					280					285	
tat	cac	aac	gag	ctg	gac	atg	aac	tta	tat	atg	aga	att	gct	cca	gaa	914
Tyr	His	Asn	Glu	Leu	Asp	Met	Asn	Leu	Tyr	Met	Arg	Ile	Ala	Pro	Glu	
			290						295					300		
ctc	tat	cat	aag	atg	ctt	gtg	gtt	ggt	ggc	atc	gac	cgg	gtt	tat	gaa	962
Leu	Tyr	His	Lys	Met	Leu	Val	Val	Gly	Gly	Ile	Asp	Arg	Val	Tyr	Glu	
			305					310					315			
att	gga	cgc	cag	ttc	cgg	aat	gag	ggg	att	gat	ttg	acg	cac	aat	cct	1010
Ile	Gly	Arg	Gln	Phe	Arg	Asn	Glu	Gly	Ile	Asp	Leu	Thr	His	Asn	Pro	
		320					325					330				
gag	ttc	acc	acc	tgt	gag	ttc	tac	atg	gcc	tat	gca	gac	tat	cac	gat	1058
Glu	Phe	Thr	Thr	Cys	Glu	Phe	Tyr	Met	Ala	Tyr	Ala	Asp	Tyr	His	Asp	
	335					340					345					
ctc	atg	gaa	atc	acg	gag	aag	atg	gtt	tca	ggg	atg	gtg	aag	cat	att	1106
Leu	Met	Glu	Ile	Thr	Glu	Lys	Met	Val	Ser	Gly	Met	Val	Lys	His	Ile	
350					355					360					365	
aca	ggc	agt	tac	aag	gtc	acc	tac	cac	cca	gat	ggc	cca	gag	ggc	caa	1154
Thr	Gly	Ser	Tyr	Lys	Val	Thr	Tyr	His	Pro	Asp	Gly	Pro	Glu	Gly	Gln	
			370						375					380		
gcc	tac	gat	gtt	gac	ttc	acc	cca	ccc	ttc	cgg	cga	atc	aac	atg	gta	1202
Ala	Tyr	Asp	Val	Asp	Phe	Thr	Pro	Pro	Phe	Arg	Arg	Ile	Asn	Met	Val	
			385					390					395			
gaa	gag	ctt	gag	aaa	gcc	ctg	ggg	atg	aag	ctg	cca	gaa	acg	aac	ctc	1250
Glu	Glu	Leu	Glu	Lys	Ala	Leu	Gly	Met	Lys	Leu	Pro	Glu	Thr	Asn	Leu	

400	405	410	
ttt gaa act gaa gaa act cgc aaa att ctt gat gat atc tgt gtg gca			1298
Phe Glu Thr Glu Glu Thr Arg Lys Ile Leu Asp Asp Ile Cys Val Ala			
415	420	425	
aaa gct gtt gaa tgc cct cca cct cgg acc aca gcc agg ctc ctt gac			1346
Lys Ala Val Glu Cys Pro Pro Pro Arg Thr Thr Ala Arg Leu Leu Asp			
430	435	440	445
aag ctt gtt ggg gag ttc ctg gaa gtg act tgc atc aat cct aca ttc			1394
Lys Leu Val Gly Glu Phe Leu Glu Val Thr Cys Ile Asn Pro Thr Phe			
450	455	460	
atc tgt gat cac cca cag ata atg agc cct ttg gct aaa tgg cac cgc			1442
Ile Cys Asp His Pro Gln Ile Met Ser Pro Leu Ala Lys Trp His Arg			
465	470	475	
tct aaa gag ggt ctg act gag cgc ttt gag ctg ttt gtc atg aag aaa			1490
Ser Lys Glu Gly Leu Thr Glu Arg Phe Glu Leu Phe Val Met Lys Lys			
480	485	490	
gag ata tgc aat gcg tat act gag ctg aat gat ccc atg cgg cag cgg			1538
Glu Ile Cys Asn Ala Tyr Thr Glu Leu Asn Asp Pro Met Arg Gln Arg			
495	500	505	
cag ctt ttt gaa gaa cag gcc aag gcc aag gct gca ggt gat gat gag			1586
Gln Leu Phe Glu Glu Gln Ala Lys Ala Lys Ala Ala Gly Asp Asp Glu			
510	515	520	525
gcc atg ttc ata gat gaa aac ttc tgt act gcc ctg gaa tat ggg ctg			1634
Ala Met Phe Ile Asp Glu Asn Phe Cys Thr Ala Leu Glu Tyr Gly Leu			
530	535	540	
ccc ccc aca gct ggc tgg ggc atg ggc att gat cga gtc gcc atg ttt			1682
Pro Pro Thr Ala Gly Trp Gly Met Gly Ile Asp Arg Val Ala Met Phe			
545	550	555	
ctc acg gac tcc aac aac atc aag gaa gta ctt ctg ttt cct gcc atg			1730
Leu Thr Asp Ser Asn Asn Ile Lys Glu Val Leu Leu Phe Pro Ala Met			
560	565	570	
aaa ccc gaa gac aag aag gag aat gta gca acc act gat aca ctg gaa			1778
Lys Pro Glu Asp Lys Lys Glu Asn Val Ala Thr Thr Asp Thr Leu Glu			
575	580	585	
agc aca aca gtt ggc act tct gtc tag aaaataataa ttgcaagttg			1825
Ser Thr Thr Val Gly Thr Ser Val			
590	595		

tataactcag	gcgtctttgc	atttctgcga	aagatcaagg	tctgcaaggg	aattcttgtg	1885
tgctgctttc	catttgacac	cgcagttctg	ttcagccatc	agaagagaga	caaggaatta	1945
aaaattttctt	tttaatcctg	ttaccaaaaa	aaaaaaaaaa	aaa		1988

<210> 56
 <211> 597
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 56

Met	Ala	Ala	Val	Gln	Ala	Ala	Glu	Val	Lys	Val	Asp	Gly	Ser	Glu	Pro
1				5					10					15	

Lys	Leu	Ser	Lys	Asn	Glu	Leu	Lys	Arg	Arg	Leu	Lys	Ala	Glu	Lys	Lys
			20					25					30		

Val	Ala	Glu	Lys	Glu	Ala	Lys	Gln	Lys	Glu	Leu	Ser	Glu	Lys	Gln	Leu
		35					40					45			

Ser	Gln	Ala	Thr	Ala	Ala	Ala	Thr	Asn	His	Thr	Thr	Asp	Asn	Gly	Val
50						55					60				

Gly	Pro	Glu	Glu	Glu	Ser	Val	Asp	Pro	Asn	Gln	Tyr	Tyr	Lys	Ile	Arg
65					70					75					80

Ser	Gln	Ala	Ile	His	Gln	Leu	Lys	Val	Asn	Gly	Glu	Asp	Pro	Tyr	Pro
				85					90					95	

His	Lys	Phe	His	Val	Asp	Ile	Ser	Leu	Thr	Asp	Phe	Ile	Gln	Lys	Tyr
		100						105					110		

Ser	His	Leu	Gln	Pro	Gly	Asp	His	Leu	Thr	Asp	Ile	Thr	Leu	Lys	Val
		115					120					125			

Ala	Gly	Arg	Ile	His	Ala	Lys	Arg	Ala	Ser	Gly	Gly	Lys	Leu	Ile	Phe
	130					135					140				

Tyr Asp Leu Arg Gly Glu Gly Val Lys Leu Gln Val Met Ala Asn Ser
145 150 155 160

Arg Asn Tyr Lys Ser Glu Glu Glu Phe Ile His Ile Asn Asn Lys Leu
165 170 175

Arg Arg Gly Asp Ile Ile Gly Val Gln Gly Asn Pro Gly Lys Thr Lys
180 185 190

Lys Gly Glu Leu Ser Ile Ile Pro Tyr Glu Ile Thr Leu Leu Ser Pro
195 200 205

Cys Leu His Met Leu Pro His Leu His Phe Gly Leu Lys Asp Lys Glu
210 215 220

Thr Arg Tyr Arg Gln Arg Tyr Leu Asp Leu Ile Leu Asn Asp Phe Val
225 230 235 240

Arg Gln Lys Phe Ile Ile Arg Ser Lys Ile Ile Thr Tyr Ile Arg Ser
245 250 255

Phe Leu Asp Glu Leu Gly Phe Leu Glu Ile Glu Thr Pro Met Met Asn
260 265 270

Ile Ile Pro Gly Gly Ala Val Ala Lys Pro Phe Ile Thr Tyr His Asn
275 280 285

Glu Leu Asp Met Asn Leu Tyr Met Arg Ile Ala Pro Glu Leu Tyr His
290 295 300

Lys Met Leu Val Val Gly Gly Ile Asp Arg Val Tyr Glu Ile Gly Arg
305 310 315 320

Gln Phe Arg Asn Glu Gly Ile Asp Leu Thr His Asn Pro Glu Phe Thr
325 330 335

Thr Cys Glu Phe Tyr Met Ala Tyr Ala Asp Tyr His Asp Leu Met Glu
340 345 350

Ile Thr Glu Lys Met Val Ser Gly Met Val Lys His Ile Thr Gly Ser
355 360 365

Tyr Lys Val Thr Tyr His Pro Asp Gly Pro Glu Gly Gln Ala Tyr Asp
370 375 380

Val Asp Phe Thr Pro Pro Phe Arg Arg Ile Asn Met Val Glu Glu Leu
385 390 395 400

Glu Lys Ala Leu Gly Met Lys Leu Pro Glu Thr Asn Leu Phe Glu Thr
405 410 415

Glu Glu Thr Arg Lys Ile Leu Asp Asp Ile Cys Val Ala Lys Ala Val
420 425 430

Glu Cys Pro Pro Pro Arg Thr Thr Ala Arg Leu Leu Asp Lys Leu Val
435 440 445

Gly Glu Phe Leu Glu Val Thr Cys Ile Asn Pro Thr Phe Ile Cys Asp
450 455 460

His Pro Gln Ile Met Ser Pro Leu Ala Lys Trp His Arg Ser Lys Glu
465 470 475 480

Gly Leu Thr Glu Arg Phe Glu Leu Phe Val Met Lys Lys Glu Ile Cys
485 490 495

Asn Ala Tyr Thr Glu Leu Asn Asp Pro Met Arg Gln Arg Gln Leu Phe
500 505 510

Glu Glu Gln Ala Lys Ala Lys Ala Ala Gly Asp Asp Glu Ala Met Phe
515 520 525

Ile Asp Glu Asn Phe Cys Thr Ala Leu Glu Tyr Gly Leu Pro Pro Thr
530 535 540

Ala Gly Trp Gly Met Gly Ile Asp Arg Val Ala Met Phe Leu Thr Asp
545 550 555 560

Ser Asn Asn Ile Lys Glu Val Leu Leu Phe Pro Ala Met Lys Pro Glu
565 570 575

Asp Lys Lys Glu Asn Val Ala Thr Thr Asp Thr Leu Glu Ser Thr Thr
580 585 590

Val Gly Thr Ser Val
595

<210> 57

<211> 763

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 57

ggggctaaac ctagcccca acccaactcca ccttaactacc agacaacctt agccaaacca 60
tttacccaaa taaagtatat gcgatatagaa ttgaaacctg gcgcaataga tatagtaccg 120
caagggaag atgaaaaatt ataaccaagc ataatatagc aaggactaac ccctatacct 180
tctgcataat gaattaaacta gaaataactt tgcaaggaga gccaaagcta agacccccga 240
aaccagacga gctacctaaag aacagctaaa agagcacacc cgtctatgta gcaaaatagt 300
gggaagattt ataggtagag gcgacaaacc taccgagcct ggtgatagct ggttgtccaa 360
gatagaatct tagttcaact ttaaatttgc ccacagaacc ctctaaatcc ccttgtaaat 420
ttaactgtta gtccaaagag gaacagctct ttggacacta ggaaaaaacc ttgtagagag 480
agtaaaaaat ttaacacca tagtaggcct aaaagcagcc accaattaag aaagcgttca 540
agctcaacac ccactaccta aaaaatccca aacatataac tgaactcctc acaccaatt 600
ggaccaatct atcacctat agaagaacta atgttagtat aagtaacatg aaaacattct 660
cctccgcata agcctgcgtc agattaaaac actgaactga caattaacag cccaatatct 720
acaatcaacc cacaagtcac tattaccctc actgtcaacc caa 763

<210> 58

<211> 1575
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (196)..(834)
<223>

<400> 58
ctcttcccggtt ctccagctcc gccgccagct ccagcctttg ctccccctcc caaagtcctc 60
tccccggagc ggagcgcacc taggggtccct cttccgtccc cccagcccag ctaccctgtc 120
agaccagcag cctcggggggg ccccccccg ccagcctgcc tccctcccg ctcagccctgc 180
caggggttccc cagcc atg aat ctc ttc cga ttc ctg gga gac ctc tcc cac 231
Met Asn Leu Phe Arg Phe Leu Gly Asp Leu Ser His
1 5 10
ctc ctc gcc atc atc ttg cta ctg ctc aaa atc tgg aag tcc cgc tcg 279
Leu Leu Ala Ile Ile Leu Leu Leu Leu Lys Ile Trp Lys Ser Arg Ser
15 20 25
tgc gcc gga att tca ggg aag agc cag gtc ctg ttt gct gtg gtg ttc 327
Cys Ala Gly Ile Ser Gly Lys Ser Gln Val Leu Phe Ala Val Val Phe
30 35 40
act gcc cga tat ctg gac ctc ttc acc aac tac atc tca ctc tac aac 375
Thr Ala Arg Tyr Leu Asp Leu Phe Thr Asn Tyr Ile Ser Leu Tyr Asn
45 50 55 60
acg tgt atg aag gtg gtc tac ata gcc tgc tcc ttc acc acg gtc tgg 423
Thr Cys Met Lys Val Val Tyr Ile Ala Cys Ser Phe Thr Thr Val Trp
65 70 75
ttg att tat agc aag ttc aaa gct act tac gat ggg aac cat gac acg 471
Leu Ile Tyr Ser Lys Phe Lys Ala Thr Tyr Asp Gly Asn His Asp Thr
80 85 90
ttc aga gtg gag ttc ctg gtc gtt ccc aca gcc att ctg gcg ttc ctg 519
Phe Arg Val Glu Phe Leu Val Val Pro Thr Ala Ile Leu Ala Phe Leu
95 100 105
gtc aat cat gac ttc acc cct ctg gag atc ctc tgg acc ttc tcc atc 567
Val Asn His Asp Phe Thr Pro Leu Glu Ile Leu Trp Thr Phe Ser Ile
110 115 120
tac ctg gag tca gtg gcc atc ttg ccg cag ctg ttc atg gtg agc aag 615
Tyr Leu Glu Ser Val Ala Ile Leu Pro Gln Leu Phe Met Val Ser Lys

125	130	135	140	
acc ggc gag gcg gag acc atc acc agc cac tac ttg ttt gcg cta ggc				663
Thr Gly Glu Ala Glu Thr Ile Thr Ser His Tyr Leu Phe Ala Leu Gly				
	145	150	155	
gtt tac cgc acg ctc tat ctc ttc aac tgg atc tgg cgc tac cat ttc				711
Val Tyr Arg Thr Leu Tyr Leu Phe Asn Trp Ile Trp Arg Tyr His Phe				
	160	165	170	
gag ggc ttc ttc gac ctc atc gcc att gtg gca ggc ctg gtc cag aca				759
Glu Gly Phe Phe Asp Leu Ile Ala Ile Val Ala Gly Leu Val Gln Thr				
	175	180	185	
gtc ctc tac tgc gat ttc ttc tac ctc tat atc acc aaa gtc cta aag				807
Val Leu Tyr Cys Asp Phe Phe Tyr Leu Tyr Ile Thr Lys Val Leu Lys				
	190	195	200	
ggg aag aag ttg agt ttg ccg gca tag ccccggtcct ctccatctct				854
Gly Lys Lys Leu Ser Leu Pro Ala				
205	210			
ctcctcggca gcagcgggag gcagaggaag gcggcagaag atgaagagct ttcccatcca				914
gggggtgactt ttttaagaac ccacctcttg tgctcccat cccgcctcct gccgggtttc				974
agggggacag tggaggatcc aggtcttggg gagctcagga cttgggctgt ttgtagtttt				1034
ttgcctttta gacaagaaaa aaaaatcttt ccacctttta gtttttgatt ctgatgactc				1094
gtttttcttc tactctgttg ccccaatttt tataaagtgt ttttgagtgt cctatggggc				1154
ggggcagggt ccaagatctt ttccttccc caggccccctc ggctccctcc cagatcccac				1214
ccccagcccc actggttgcc aaacactaaa tctgccgaca cccatctgcc ccacctcctg				1274
ccatggccat gaaccgcgac cccactaaa tttctagatt ggggataggg agaaagggag				1334
gcccaggaag gtctcccctg attttttttc atagtaattt ttttcccag agtttgaatt				1394
ttttggtctt ctcctggttt tttggcaaat tagggggggc cggggctcaa gtgcgggaag				1454
ggggctggcc cgaggatccc atggctctca caccatgttt ttgtacagaa ctgatggttg				1514
aatctttggt ctcctgaaat aaacagaaga aaatgaaacc tttaaaaaaaaa aaaaaaaaaa				1574
a				1575

<211> 212
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 59

Met Asn Leu Phe Arg Phe Leu Gly Asp Leu Ser His Leu Leu Ala Ile
1 5 10 15

Ile Leu Leu Leu Leu Lys Ile Trp Lys Ser Arg Ser Cys Ala Gly Ile
20 25 30

Ser Gly Lys Ser Gln Val Leu Phe Ala Val Val Phe Thr Ala Arg Tyr
35 40 45

Leu Asp Leu Phe Thr Asn Tyr Ile Ser Leu Tyr Asn Thr Cys Met Lys
50 55 60

Val Val Tyr Ile Ala Cys Ser Phe Thr Thr Val Trp Leu Ile Tyr Ser
65 70 75 80

Lys Phe Lys Ala Thr Tyr Asp Gly Asn His Asp Thr Phe Arg Val Glu
85 90 95

Phe Leu Val Val Pro Thr Ala Ile Leu Ala Phe Leu Val Asn His Asp
100 105 110

Phe Thr Pro Leu Glu Ile Leu Trp Thr Phe Ser Ile Tyr Leu Glu Ser
115 120 125

Val Ala Ile Leu Pro Gln Leu Phe Met Val Ser Lys Thr Gly Glu Ala
130 135 140

Glu Thr Ile Thr Ser His Tyr Leu Phe Ala Leu Gly Val Tyr Arg Thr
145 150 155 160

Leu Tyr Leu Phe Asn Trp Ile Trp Arg Tyr His Phe Glu Gly Phe Phe
165 170 175

Asp Leu Ile Ala Ile Val Ala Gly Leu Val Gln Thr Val Leu Tyr Cys
180 185 190

Asp Phe Phe Tyr Leu Tyr Ile Thr Lys Val Leu Lys Gly Lys Lys Leu
195 200 205

Ser Leu Pro Ala
210

<210> 60
<211> 2245
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (157)..(1110)
<223>

<400> 60
gaatctcgac ccttgaatgg agttacacga acggccagat gaaagaagga aggcccgagc 60

ctccactcag ggccgactag gggactggcg gaggggtgcac gctgatggat ttactcaccg 120

ggtgcttggg gctccagcag ctggctggag cccgcg atg acg tca cgg act cgg 174
Met Thr Ser Arg Thr Arg
1 5

gtc aca tgg ccg agt ccg ccc cgc ccc ctc ccc gtc ccc gcc gct gca 222
Val Thr Trp Pro Ser Pro Pro Arg Pro Leu Pro Val Pro Ala Ala Ala
10 15 20

gcc gtc gcc ttc gga gcg aag ggt acc gac ccg gca gaa gct cgg agc 270
Ala Val Ala Phe Gly Ala Lys Gly Thr Asp Pro Ala Glu Ala Arg Ser
25 30 35

tct cgg ggt atc gag gag gca ggc ccg cgg gcg cac ggg cga gcg ggc 318
Ser Arg Gly Ile Glu Glu Ala Gly Pro Arg Ala His Gly Arg Ala Gly
40 45 50

cgg gag ccg gag cgg cgg agg agc cgg cag cag cgg cgc ggc ggg ctc 366
Arg Glu Pro Glu Arg Arg Arg Ser Arg Gln Gln Arg Arg Gly Gly Leu
55 60 65 70

cag gcg agg cgg tcg acg ctc ctg aaa act tgc gcg cgc gct cgc gcc 414
Gln Ala Arg Arg Ser Thr Leu Leu Lys Thr Cys Ala Arg Ala Arg Ala
75 80 85

act gcg ccc gga gcg atg aag atg gtc gcg ccc tgg acg cgg ttc tac	462
Thr Ala Pro Gly Ala Met Lys Met Val Ala Pro Trp Thr Arg Phe Tyr	
90 95 100	
tcc aac agc tgc tgc ttg tgc tgc cat gtc cgc acc ggc acc atc ctg	510
Ser Asn Ser Cys Cys Leu Cys Cys His Val Arg Thr Gly Thr Ile Leu	
105 110 115	
ctc ggc gtc tgg tat ctg atc atc aat gct gtg gta ctg ttg att tta	558
Leu Gly Val Trp Tyr Leu Ile Ile Asn Ala Val Val Leu Leu Ile Leu	
120 125 130	
ttg agt gcc ctg gct gat ccg gat cag tat aac ttt tca agt tct gaa	606
Leu Ser Ala Leu Ala Asp Pro Asp Gln Tyr Asn Phe Ser Ser Ser Glu	
135 140 145 150	
ctg gga ggt gac ttt gag ttc atg gat gat gcc aac atg tgc att gcc	654
Leu Gly Gly Asp Phe Glu Phe Met Asp Asp Ala Asn Met Cys Ile Ala	
155 160 165	
att gcg att tct ctt ctc atg atc ctg ata tgt gct atg gct act tac	702
Ile Ala Ile Ser Leu Leu Met Ile Leu Ile Cys Ala Met Ala Thr Tyr	
170 175 180	
gga gcg tac aag caa cgc gca gcc tgg atc atc cca ttc ttc tgt tac	750
Gly Ala Tyr Lys Gln Arg Ala Ala Trp Ile Ile Pro Phe Phe Cys Tyr	
185 190 195	
cag atc ttt gac ttt gcc ctg aac atg ttg gtt gca atc act gtg ctt	798
Gln Ile Phe Asp Phe Ala Leu Asn Met Leu Val Ala Ile Thr Val Leu	
200 205 210	
att tat cca aac tcc att cag gaa tac ata cgg caa ctg cct cct aat	846
Ile Tyr Pro Asn Ser Ile Gln Glu Tyr Ile Arg Gln Leu Pro Pro Asn	
215 220 225 230	
ttt ccc tac aga gat gat gtc atg tca gtg aat cct acc tgt ttg gtc	894
Phe Pro Tyr Arg Asp Asp Val Met Ser Val Asn Pro Thr Cys Leu Val	
235 240 245	
ctt att att ctt ctg ttt att agc att atc ttg act ttt aag ggt tac	942
Leu Ile Ile Leu Leu Phe Ile Ser Ile Ile Leu Thr Phe Lys Gly Tyr	
250 255 260	
ttg att agc tgt gtt tgg aac tgc tac cga tac atc aat ggt agg aac	990
Leu Ile Ser Cys Val Trp Asn Cys Tyr Arg Tyr Ile Asn Gly Arg Asn	
265 270 275	
tcc tct gat gtc ctg gtt tat gtt acc agc aat gac act acg gtg ctg	1038

Ser	Ser	Asp	Val	Leu	Val	Tyr	Val	Thr	Ser	Asn	Asp	Thr	Thr	Val	Leu	
280				285				290								
cta	ccc	ccg	tat	gat	gat	gcc	act	gtg	aat	ggg	gct	gcc	aag	gag	cca	1086
Leu	Pro	Pro	Tyr	Asp	Asp	Ala	Thr	Val	Asn	Gly	Ala	Ala	Lys	Glu	Pro	
295				300				305				310				
ccg	cca	cct	tac	gtg	tct	gcc	taa	gcctt	caagt	ggggc	ggagct	gagggc	cagca			1140
Pro	Pro	Pro	Tyr	Val	Ser	Ala										
315																
gcttg	actttt	gcag	acatct	gag	caatagt	tct	gtt	atftt	cact	ttttg	cc	atg	agc	ctct		1200
ctg	agctt	gt	ttgtt	gctga	aat	gct	actt	ttt	aaa	atftt	agat	gtt	aga	ttg	aaa	actg
tag	ttttc	aa	catat	gcttt	gct	gga	acac	tgt	gat	agat	taact	gt	aga	att	ctt	ctg
tac	gatt	ggg	gat	ata	atgg	gctt	cact	aa	cctt	ccctag	gcatt	gaa	ac	tt	cccc	aaa
tct	gat	ggac	ctag	aagt	ct	gctttt	gtac	ctg	ctg	gggc	ccaa	agt	tgg	gcatt	tttt	ct
ctc	tgtt	ccc	tct	ctttt	tga	aaat	gt	aaaa	taaaa	acc	aaa	aat	agaca	ac	ttttt	cttca
gcc	att	ccag	cat	agaga	aac	aaa	acct	tat	gg	aaac	agga	atgt	caatt	g	tgaat	catt
gtt	cta	aatta	gg	t	aaat	aga	agt	cc	t	atg	tgt	tac	aaga	att	tcc	cccaca
cc	ttt	atg	ac	tga	agtt	caa	tg	ac	agttt	g	tgtt	tgg	t	aa	agg	atftt
ctg	aat	taag	acc	att	agaa	agc	acc	aggc	cgt	ggg	agca	gtg	acc	atct	gctg	actg
ctt	gtg	gac	ttgt	gtcc	ag	gg	acat	gggg	tg	acat	gcct	cgt	atg	tgtt	ag	aggggt
atg	gat	gtgt	ttg	gcg	ctgc	atg	ggg	atctg	gtg	cccc	ctct	tct	cct	ggat	tc	acatcccc
acc	cagg	ggcc	cg	ctttt	act	aag	tgtt	ctg	cc	ctag	attg	gtt	ca	aggag	gt	catcca
tg	acttt	atc	gag	tgg	aatt	ggg	at	atatt	tt	tg	atata	ctt	ctg	cc	taaca	acatgg
ggg	tttt	ctt	ttcc	ctg	caa	gct	ac	atc	ct	actg	ctt	tga	actt	cca	agt	atgt
ac	ctttt	taaa	atg	t	aaacat	ttt	cag	aaaa	atg	agg	attg	cctt	c	ctt	gt	atgcg
tac	ctt	gact	acct	gaatt	g	caagg	g	atftt	tt	t	atata	ttc	atat	gtt	aca	aagtc
ctc	tc	ctgtt	gg	ttc	attat	tga	atgt	gct	gt	aaa	att	aag	ttg	ttt	gcaa	tt
gtt	t	gcccc	ac	aaaaaaaa	aaaaa											
																2245

<210> 61
<211> 317
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 61

Met Thr Ser Arg Thr Arg Val Thr Trp Pro Ser Pro Pro Arg Pro Leu
1 5 10 15

Pro Val Pro Ala Ala Ala Ala Val Ala Phe Gly Ala Lys Gly Thr Asp
20 25 30

Pro Ala Glu Ala Arg Ser Ser Arg Gly Ile Glu Glu Ala Gly Pro Arg
35 40 45

Ala His Gly Arg Ala Gly Arg Glu Pro Glu Arg Arg Arg Ser Arg Gln
50 55 60

Gln Arg Arg Gly Gly Leu Gln Ala Arg Arg Ser Thr Leu Leu Lys Thr
65 70 75 80

Cys Ala Arg Ala Arg Ala Thr Ala Pro Gly Ala Met Lys Met Val Ala
85 90 95

Pro Trp Thr Arg Phe Tyr Ser Asn Ser Cys Cys Leu Cys Cys His Val
100 105 110

Arg Thr Gly Thr Ile Leu Leu Gly Val Trp Tyr Leu Ile Ile Asn Ala
115 120 125

Val Val Leu Leu Ile Leu Leu Ser Ala Leu Ala Asp Pro Asp Gln Tyr
130 135 140

Asn Phe Ser Ser Ser Glu Leu Gly Gly Asp Phe Glu Phe Met Asp Asp
145 150 155 160

Ala Asn Met Cys Ile Ala Ile Ala Ile Ser Leu Leu Met Ile Leu Ile
165 170 175

Cys Ala Met Ala Thr Tyr Gly Ala Tyr Lys Gln Arg Ala Ala Trp Ile
180 185 190

Ile Pro Phe Phe Cys Tyr Gln Ile Phe Asp Phe Ala Leu Asn Met Leu
195 200 205

Val Ala Ile Thr Val Leu Ile Tyr Pro Asn Ser Ile Gln Glu Tyr Ile
210 215 220

Arg Gln Leu Pro Pro Asn Phe Pro Tyr Arg Asp Asp Val Met Ser Val
225 230 235 240

Asn Pro Thr Cys Leu Val Leu Ile Ile Leu Leu Phe Ile Ser Ile Ile
245 250 255

Leu Thr Phe Lys Gly Tyr Leu Ile Ser Cys Val Trp Asn Cys Tyr Arg
260 265 270

Tyr Ile Asn Gly Arg Asn Ser Ser Asp Val Leu Val Tyr Val Thr Ser
275 280 285

Asn Asp Thr Thr Val Leu Leu Pro Pro Tyr Asp Asp Ala Thr Val Asn
290 295 300

Gly Ala Ala Lys Glu Pro Pro Pro Pro Tyr Val Ser Ala
305 310 315

<210> 62
<211> 1453
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (65)..(1057)
<223>

<400> 62
ggctgccgga gggcgggagg caggagcggg ccaggagctg ctgggctgga gcggcggcgc 60

cgcc atg tcc gac agc gag aag ctc aac ctg gac tcg atc atc ggg cgc	109
Met Ser Asp Ser Glu Lys Leu Asn Leu Asp Ser Ile Ile Gly Arg	
1 5 10 15	
ctg ctg gaa gtg cag ggc tcg cgg cct ggc aag aat gta cag ctg aca	157
Leu Leu Glu Val Gln Gly Ser Arg Pro Gly Lys Asn Val Gln Leu Thr	
20 25 30	
gag aac gag atc cgc ggt ctg tgc ctg aaa tcc cgg gag att ttt ctg	205
Glu Asn Glu Ile Arg Gly Leu Cys Leu Lys Ser Arg Glu Ile Phe Leu	
35 40 45	
agc cag ccc att ctt ctg gag ctg gag gca ccc ctc aag atc tgc ggt	253
Ser Gln Pro Ile Leu Leu Glu Leu Glu Ala Pro Leu Lys Ile Cys Gly	
50 55 60	
gac ata cac ggc cag tac tac gac ctt ctg cga cta ttt gag tat ggc	301
Asp Ile His Gly Gln Tyr Tyr Asp Leu Leu Arg Leu Phe Glu Tyr Gly	
65 70 75	
ggt ttc cct ccc gag agc aac tac ctc ttt ctg ggg gac tat gtg gac	349
Gly Phe Pro Pro Glu Ser Asn Tyr Leu Phe Leu Gly Asp Tyr Val Asp	
80 85 90 95	
agg ggc aag cag tcc ttg gag acc atc tgc ctg ctg ctg gcc tat aag	397
Arg Gly Lys Gln Ser Leu Glu Thr Ile Cys Leu Leu Leu Ala Tyr Lys	
100 105 110	
atc aag tac ccc gag aac ttc ttc ctg ctc cgt ggg aac cac gag tgt	445
Ile Lys Tyr Pro Glu Asn Phe Phe Leu Leu Arg Gly Asn His Glu Cys	
115 120 125	
gcc agc atc aac cgc atc tat ggt ttc tac gat gag tgc aag aga cgc	493
Ala Ser Ile Asn Arg Ile Tyr Gly Phe Tyr Asp Glu Cys Lys Arg Arg	
130 135 140	
tac aac atc aaa ctg tgg aaa acc ttc act gac tgc ttc aac tgc ctg	541
Tyr Asn Ile Lys Leu Trp Lys Thr Phe Thr Asp Cys Phe Asn Cys Leu	
145 150 155	
ccc atc gcg gcc ata gtg gac gaa aag atc ttc tgc tgc cac gga ggc	589
Pro Ile Ala Ala Ile Val Asp Glu Lys Ile Phe Cys Cys His Gly Gly	
160 165 170 175	
ctg tcc ccg gac ctg cag tct atg gag cag att cgg cgg atc atg cgg	637
Leu Ser Pro Asp Leu Gln Ser Met Glu Gln Ile Arg Arg Ile Met Arg	
180 185 190	
ccc aca gat gtg cct gac cag ggc ctg ctg tgt gac ctg ctg tgg tct	685
Pro Thr Asp Val Pro Asp Gln Gly Leu Leu Cys Asp Leu Leu Trp Ser	

195										200					205					
gac	cct	gac	aag	gac	gtg	cag	ggc	tgg	ggc	gag	aac	gac	cgt	ggc	gtc	733				
Asp	Pro	Asp	Lys	Asp	Val	Gln	Gly	Trp	Gly	Glu	Asn	Asp	Arg	Gly	Val					
210					215					220										
tct	ttt	acc	ttt	gga	gcc	gag	gtg	gtg	gcc	aag	ttc	ctc	cac	aag	cac	781				
Ser	Phe	Thr	Phe	Gly	Ala	Glu	Val	Val	Ala	Lys	Phe	Leu	His	Lys	His					
225			230					235												
gac	ttg	gac	ctc	atc	tgc	cga	gca	cac	cag	gtg	gta	gaa	gac	ggc	tac	829				
Asp	Leu	Asp	Leu	Ile	Cys	Arg	Ala	His	Gln	Val	Val	Glu	Asp	Gly	Tyr					
240		245					250					255								
gag	ttc	ttt	gcc	aag	cgg	cag	ctg	gtg	aca	ctt	ttc	tca	gct	ccc	aac	877				
Glu	Phe	Phe	Ala	Lys	Arg	Gln	Leu	Val	Thr	Leu	Phe	Ser	Ala	Pro	Asn					
260				265					270											
tac	tgt	ggc	gag	ttt	gac	aat	gct	ggc	gcc	atg	atg	agt	gtg	gac	gag	925				
Tyr	Cys	Gly	Glu	Phe	Asp	Asn	Ala	Gly	Ala	Met	Met	Ser	Val	Asp	Glu					
275			280					285												
acc	ctc	atg	tgc	tct	ttc	cag	atc	ctc	aag	ccc	gcc	gac	aag	aac	aag	973				
Thr	Leu	Met	Cys	Ser	Phe	Gln	Ile	Leu	Lys	Pro	Ala	Asp	Lys	Asn	Lys					
290			295					300												
ggg	aag	tac	ggg	cag	ttc	agt	ggc	ctg	aac	cct	gga	ggc	cga	ccc	atc	1021				
Gly	Lys	Tyr	Gly	Gln	Phe	Ser	Gly	Leu	Asn	Pro	Gly	Gly	Arg	Pro	Ile					
305		310					315													
acc	cca	ccc	cgc	aat	tcc	gcc	aaa	gcc	aag	aaa	tag	cccccg	caca			1067				
Thr	Pro	Pro	Arg	Asn	Ser	Ala	Lys	Ala	Lys	Lys										
320		325					330													
ccaccctgtg	ccccagatga	tggattgatt	gtacagaaat	catgctgcc	tgctgggggg	1127														
gggtcacccc	gaccctcag	gccacctgt	cacggggaac	atggagcctt	ggtgtat	1187														
tcttttcttt	ttttaatgaa	tcaatagcag	cgtccagtc	cccagggctg	cttcctgcct	1247														
gcacctg	cggtgag	caggatcctg	gggccgaggg	tgcagctcag	ggcaacggca	1307														
ggccagggtcg	tgggtctcca	gccgtgcttg	gcctcagggc	tggcagccgg	atcctggggc	1367														
aaaccatctg	gtctcttgaa	taaagggtcaa	agctggattc	tcaaaaaaaaa	aaaaaaaaaaa	1427														
aaaaaaaaaaa	aaaaaaaaaaa	aaaaaaa				1453														

<211> 330
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 63

Met Ser Asp Ser Glu Lys Leu Asn Leu Asp Ser Ile Ile Gly Arg Leu
1 5 10 15

Leu Glu Val Gln Gly Ser Arg Pro Gly Lys Asn Val Gln Leu Thr Glu
20 25 30

Asn Glu Ile Arg Gly Leu Cys Leu Lys Ser Arg Glu Ile Phe Leu Ser
35 40 45

Gln Pro Ile Leu Leu Glu Leu Glu Ala Pro Leu Lys Ile Cys Gly Asp
50 55 60

Ile His Gly Gln Tyr Tyr Asp Leu Leu Arg Leu Phe Glu Tyr Gly Gly
65 70 75 80

Phe Pro Pro Glu Ser Asn Tyr Leu Phe Leu Gly Asp Tyr Val Asp Arg
85 90 95

Gly Lys Gln Ser Leu Glu Thr Ile Cys Leu Leu Leu Ala Tyr Lys Ile
100 105 110

Lys Tyr Pro Glu Asn Phe Phe Leu Leu Arg Gly Asn His Glu Cys Ala
115 120 125

Ser Ile Asn Arg Ile Tyr Gly Phe Tyr Asp Glu Cys Lys Arg Arg Tyr
130 135 140

Asn Ile Lys Leu Trp Lys Thr Phe Thr Asp Cys Phe Asn Cys Leu Pro
145 150 155 160

Ile Ala Ala Ile Val Asp Glu Lys Ile Phe Cys Cys His Gly Gly Leu
165 170 175

Ser Pro Asp Leu Gln Ser Met Glu Gln Ile Arg Arg Ile Met Arg Pro
180 185 190

Thr Asp Val Pro Asp Gln Gly Leu Leu Cys Asp Leu Leu Trp Ser Asp
195 200 205

Pro Asp Lys Asp Val Gln Gly Trp Gly Glu Asn Asp Arg Gly Val Ser
210 215 220

Phe Thr Phe Gly Ala Glu Val Val Ala Lys Phe Leu His Lys His Asp
225 230 235 240

Leu Asp Leu Ile Cys Arg Ala His Gln Val Val Glu Asp Gly Tyr Glu
245 250 255

Phe Phe Ala Lys Arg Gln Leu Val Thr Leu Phe Ser Ala Pro Asn Tyr
260 265 270

Cys Gly Glu Phe Asp Asn Ala Gly Ala Met Met Ser Val Asp Glu Thr
275 280 285

Leu Met Cys Ser Phe Gln Ile Leu Lys Pro Ala Asp Lys Asn Lys Gly
290 295 300

Lys Tyr Gly Gln Phe Ser Gly Leu Asn Pro Gly Gly Arg Pro Ile Thr
305 310 315 320

Pro Pro Arg Asn Ser Ala Lys Ala Lys Lys
325 330

<210> 64
<211> 1591
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (44)..(814)
<223>

<400> 64

ccctgcgtct	ctgcccggccc	cgtggcggccc	gagtgcaactg	aag	atg	gcg	gct	gct		55						
					Met	Ala	Ala	Ala								
					1											
gta	gga	cgg	ttg	ctc	cga	gcg	tcg	gtt	gcc	cga	cat	gtg	agt	gcc	att	103
Val	Gly	Arg	Leu	Leu	Arg	Ala	Ser	Val	Ala	Arg	His	Val	Ser	Ala	Ile	
5					10				15						20	
cct	tgg	ggc	att	tct	gcc	act	gca	gcc	ctc	agg	cct	gct	gca	tgt	gga	151
Pro	Trp	Gly	Ile	Ser	Ala	Thr	Ala	Ala	Leu	Arg	Pro	Ala	Ala	Cys	Gly	
				25					30					35		
aga	acg	agc	ttg	aca	aat	tta	ttg	tgt	tct	ggc	tcc	agt	caa	gca	aaa	199
Arg	Thr	Ser	Leu	Thr	Asn	Leu	Leu	Cys	Ser	Gly	Ser	Ser	Gln	Ala	Lys	
			40					45					50			
tta	ttc	agc	acc	agt	tcc	tca	tgc	cat	gca	cct	gct	gtc	acc	cag	cat	247
Leu	Phe	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Cys	His	Ala	Pro	Ala	Val	Thr	Gln	His	
		55					60					65				
gca	ccc	tat	ttt	aag	ggc	aca	gcc	gtt	gtc	aat	gga	gag	ttc	aaa	gac	295
Ala	Pro	Tyr	Phe	Lys	Gly	Thr	Ala	Val	Val	Asn	Gly	Glu	Phe	Lys	Asp	
	70					75				80						
cta	agc	ctt	gat	gac	ttt	aag	ggg	aaa	tat	ttg	gtg	ctt	ttc	ttc	tat	343
Leu	Ser	Leu	Asp	Asp	Phe	Lys	Gly	Lys	Tyr	Leu	Val	Leu	Phe	Phe	Tyr	
85					90					95					100	
cct	ttg	gat	ttc	acc	ttt	gtg	tgt	cct	aca	gaa	att	gtt	gct	ttt	agt	391
Pro	Leu	Asp	Phe	Thr	Phe	Val	Cys	Pro	Thr	Glu	Ile	Val	Ala	Phe	Ser	
				105					110					115		
gac	aaa	gct	aac	gaa	ttt	cac	gac	gtg	aac	tgt	gaa	gtt	gtc	gca	gtc	439
Asp	Lys	Ala	Asn	Glu	Phe	His	Asp	Val	Asn	Cys	Glu	Val	Val	Ala	Val	
			120					125					130			
tca	gtg	gat	tcc	cac	ttt	agc	cat	ctt	gcc	tgg	ata	aat	aca	cca	agg	487
Ser	Val	Asp	Ser	His	Phe	Ser	His	Leu	Ala	Trp	Ile	Asn	Thr	Pro	Arg	
		135						140					145			
aag	aat	ggc	ggc	ttg	ggc	cac	atg	aac	atc	gca	ctc	ttg	tca	gac	tta	535
Lys	Asn	Gly	Gly	Leu	Gly	His	Met	Asn	Ile	Ala	Leu	Leu	Ser	Asp	Leu	
	150					155				160						
act	aag	cag	att	tcc	cga	gac	tac	ggc	gtg	ctg	tta	gaa	ggc	tct	ggc	583
Thr	Lys	Gln	Ile	Ser	Arg	Asp	Tyr	Gly	Val	Leu	Leu	Glu	Gly	Ser	Gly	
165					170					175					180	
ctt	gca	cta	aga	ggc	ctc	ttc	ata	att	gac	ccc	aat	gga	gtc	atc	aag	631

Leu	Ala	Leu	Arg	Gly	Leu	Phe	Ile	Ile	Asp	Pro	Asn	Gly	Val	Ile	Lys	
				185					190					195		
cat	ttg	agc	gtc	aac	gat	ctc	cca	gtg	ggc	cga	agc	gtg	gaa	gaa	acc	679
His	Leu	Ser	Val	Asn	Asp	Leu	Pro	Val	Gly	Arg	Ser	Val	Glu	Glu	Thr	
			200					205					210			
ctc	cgc	ttg	gtg	aag	gcg	ttc	cag	tat	gta	gaa	aca	cat	gga	gaa	gtc	727
Leu	Arg	Leu	Val	Lys	Ala	Phe	Gln	Tyr	Val	Glu	Thr	His	Gly	Glu	Val	
		215					220					225				
tgc	cca	gcg	aac	tgg	aca	ccg	gat	tct	cct	acg	atc	aag	cca	agt	cca	775
Cys	Pro	Ala	Asn	Trp	Thr	Pro	Asp	Ser	Pro	Thr	Ile	Lys	Pro	Ser	Pro	
	230					235					240					
gct	gct	tcc	aaa	gag	tac	ttt	cag	aag	gta	aat	cag	tag	atc	acccatg		824
Ala	Ala	Ser	Lys	Glu	Tyr	Phe	Gln	Lys	Val	Asn	Gln					
245					250				255							
tgtatctgca	ccttctcaac	tgagagaaga	accacagt	tg	aaacctgctt	ttatcatttt										884
caagatgggt	atttgtagaa	ggcaaggaac	caattatgct	tgtattcata	agtattactc											944
taaatgtttt	gtttttgtaa	ttctggctaa	gaccttttaa	acatggtttag	ttgctagtag											1004
aaggaatcct	ttattggtaa	catcttgggtg	gctggctagc	tagtttctac	agaacataat											1064
ttgcctctat	agaaggctat	tcttagatca	tgtctcaatg	gaaacactct	tctttcttag											1124
ccttacttga	atcttgccta	taataaagta	gagcaacaca	cattgaaagc	ttctgatcaa											1184
cggtcctgaa	attttcatct	tgaatgtctt	tgtattaaac	tgaattttct	tttaagctaa											1244
caaagatcat	aattttcaat	gattagccgt	gtaactcctg	caatgaatgt	ttatgtgatt											1304
gaagcaaattg	tgaatcgatat	tattttaaaa	agtggcagag	tgacttaact	gatcatgcat											1364
gateccctcat	ccctgaaatt	gagtttatgt	agtcatttta	cttatttttat	tcattagcta											1424
actttgtcta	tgtatatttc	tagatatattga	ttagtgtaat	cgattataaa	ggatatattat											1484
caaatccagg	gattgcat	tt	tgaaattata	attat	tttct	ttgctgaagt	attcattgta									1544
aaacatacaa	aataaacata	ttttaaaaaca	tttgcatttt	accacca												1591

<210> 65
 <211> 256
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 65

Met Ala Ala Ala Val Gly Arg Leu Leu Arg Ala Ser Val Ala Arg His
1 5 10 15

Val Ser Ala Ile Pro Trp Gly Ile Ser Ala Thr Ala Ala Leu Arg Pro
20 25 30

Ala Ala Cys Gly Arg Thr Ser Leu Thr Asn Leu Leu Cys Ser Gly Ser
35 40 45

Ser Gln Ala Lys Leu Phe Ser Thr Ser Ser Ser Cys His Ala Pro Ala
50 55 60

Val Thr Gln His Ala Pro Tyr Phe Lys Gly Thr Ala Val Val Asn Gly
65 70 75 80

Glu Phe Lys Asp Leu Ser Leu Asp Asp Phe Lys Gly Lys Tyr Leu Val
85 90 95

Leu Phe Phe Tyr Pro Leu Asp Phe Thr Phe Val Cys Pro Thr Glu Ile
100 105 110

Val Ala Phe Ser Asp Lys Ala Asn Glu Phe His Asp Val Asn Cys Glu
115 120 125

Val Val Ala Val Ser Val Asp Ser His Phe Ser His Leu Ala Trp Ile
130 135 140

Asn Thr Pro Arg Lys Asn Gly Gly Leu Gly His Met Asn Ile Ala Leu
145 150 155 160

Leu Ser Asp Leu Thr Lys Gln Ile Ser Arg Asp Tyr Gly Val Leu Leu
165 170 175

Glu Gly Ser Gly Leu Ala Leu Arg Gly Leu Phe Ile Ile Asp Pro Asn
180 185 190

Gly	Val	Ile	Lys	His	Leu	Ser	Val	Asn	Asp	Leu	Pro	Val	Gly	Arg	Ser
		195					200					205			

Val	Glu	Glu	Thr	Leu	Arg	Leu	Val	Lys	Ala	Phe	Gln	Tyr	Val	Glu	Thr
	210					215					220				

His	Gly	Glu	Val	Cys	Pro	Ala	Asn	Trp	Thr	Pro	Asp	Ser	Pro	Thr	Ile
225					230					235					240

Lys	Pro	Ser	Pro	Ala	Ala	Ser	Lys	Glu	Tyr	Phe	Gln	Lys	Val	Asn	Gln
				245					250					255	

<210> 66
 <211> 1224
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (70)..(1041)
 <223>

<400> 66
 gcccatgtgtt tttgtaatct ctgaggagaa gcagcagcaa acatttgcta gtcagacaag 60

tgacagggga	atg	gat	tcc	aaa	cac	cag	tgt	gta	aag	cta	aat	gat	ggc	cac	
	Met	Asp	Ser	Lys	His	Gln	Cys	Val	Lys	Leu	Asn	Asp	Gly	His	111
	1				5					10					

ttc	atg	cct	gta	ttg	gga	ttt	ggc	acc	tat	gca	cct	cca	gag	gtt	cgc
Phe	Met	Pro	Val	Leu	Gly	Phe	Gly	Thr	Tyr	Ala	Pro	Pro	Glu	Val	Pro
15					20					25					30

aga	agt	aaa	gct	ttg	gag	gtc	aca	aaa	tta	gca	ata	gaa	gct	ggg	ttc
Arg	Ser	Lys	Ala	Leu	Glu	Val	Thr	Lys	Leu	Ala	Ile	Glu	Ala	Gly	Phe
			35						40					45	

cgc	cat	ata	gat	tct	gct	cat	tta	tac	aat	aat	gag	gag	cag	gtt	gga
Arg	His	Ile	Asp	Ser	Ala	His	Leu	Tyr	Asn	Asn	Glu	Glu	Gln	Val	Gly
			50					55					60		

ctg	gcc	atc	cga	agc	aag	att	gca	gat	ggc	agt	gtg	aag	aga	gaa	gac
Leu	Ala	Ile	Arg	Ser	Lys	Ile	Ala	Asp	Gly	Ser	Val	Lys	Arg	Glu	Asp
		65					70					75			

ata	ttc	tac	act	tca	aag	ctt	tgg	tcc	act	tft	cat	cga	cca	gag	ttg	351
Ile	Phe	Tyr	Thr	Ser	Lys	Leu	Trp	Ser	Thr	Phe	His	Arg	Pro	Glu	Leu	
80						85					90					
gtc	cga	cca	gcc	ttg	gaa	aac	tca	ctg	aag	aaa	gct	caa	ttg	gac	tat	399
Val	Arg	Pro	Ala	Leu	Glu	Asn	Ser	Leu	Lys	Lys	Ala	Gln	Leu	Asp	Tyr	
95					100					105					110	
gtt	gac	ctc	tat	ctt	att	cat	tct	cca	atg	tct	cta	aag	cca	ggc	gag	447
Val	Asp	Leu	Tyr	Leu	Ile	His	Ser	Pro	Met	Ser	Leu	Lys	Pro	Gly	Glu	
				115					120					125		
gaa	ctt	tca	cca	aca	gat	gaa	aat	gga	aaa	gta	ata	ttt	gac	ata	gtg	495
Glu	Leu	Ser	Pro	Thr	Asp	Glu	Asn	Gly	Lys	Val	Ile	Phe	Asp	Ile	Val	
			130					135					140			
gat	ctc	tgt	acc	acc	tgg	gag	gcc	atg	gag	aag	tgt	aag	gat	gca	gga	543
Asp	Leu	Cys	Thr	Thr	Trp	Glu	Ala	Met	Glu	Lys	Cys	Lys	Asp	Ala	Gly	
		145					150					155				
ttg	gcc	aag	tcc	att	ggg	gtg	tca	aac	ttc	aac	cgc	agg	cag	ctg	gag	591
Leu	Ala	Lys	Ser	Ile	Gly	Val	Ser	Asn	Phe	Asn	Arg	Arg	Gln	Leu	Glu	
	160					165					170					
atg	atc	ctc	aac	aag	cca	gga	ctc	aag	tac	aag	cct	gtc	tgc	aac	cag	639
Met	Ile	Leu	Asn	Lys	Pro	Gly	Leu	Lys	Tyr	Lys	Pro	Val	Cys	Asn	Gln	
175					180					185					190	
gta	gaa	tgt	cat	ccg	tat	ttc	aac	cgg	agt	aaa	ttg	cta	gat	ttc	tgc	687
Val	Glu	Cys	His	Pro	Tyr	Phe	Asn	Arg	Ser	Lys	Leu	Leu	Asp	Phe	Cys	
				195					200					205		
aag	tcg	aaa	gat	att	gtt	ctg	gtt	gcc	tat	agt	gct	ctg	gga	tct	caa	735
Lys	Ser	Lys	Asp	Ile	Val	Leu	Val	Ala	Tyr	Ser	Ala	Leu	Gly	Ser	Gln	
			210					215					220			
cga	gac	aaa	cga	tgg	gtg	gac	ccg	aac	tcc	ccg	gtg	ctc	ttg	gag	gac	783
Arg	Asp	Lys	Arg	Trp	Val	Asp	Pro	Asn	Ser	Pro	Val	Leu	Leu	Glu	Asp	
		225					230					235				
cca	gtc	ctt	tgt	gcc	ttg	gca	aaa	aag	cac	aag	cga	acc	cca	gcc	ctg	831
Pro	Val	Leu	Cys	Ala	Leu	Ala	Lys	Lys	His	Lys	Arg	Thr	Pro	Ala	Leu	
	240					245					250					
att	gcc	ctg	cgc	tac	cag	ctg	cag	cgt	ggg	gtt	gtg	gtc	ctg	gcc	aag	879
Ile	Ala	Leu	Arg	Tyr	Gln	Leu	Gln	Arg	Gly	Val	Val	Val	Leu	Ala	Lys	
255					260					265					270	
agc	tac	aat	gag	cag	cgc	atc	aga	cag	aac	gtg	cag	gtt	ttt	gag	ttc	927
Ser	Tyr	Asn	Glu	Gln	Arg	Ile	Arg	Gln	Asn	Val	Gln	Val	Phe	Glu	Phe	

275

280

285

cag ttg act gca gag gac atg aaa gcc ata gat ggc cta gac aga aat 975
 Gln Leu Thr Ala Glu Asp Met Lys Ala Ile Asp Gly Leu Asp Arg Asn
 290 295 300

ctc cac tat ttt aac agt gat agt ttt gct agc cac cct aat tat cca 1023
 Leu His Tyr Phe Asn Ser Asp Ser Phe Ala Ser His Pro Asn Tyr Pro
 305 310 315

tat tca gat gaa tat taa catggagggc tttagcctgat gtctaccaga 1071
 Tyr Ser Asp Glu Tyr
 320

agccctgtgt gtggatgggt acgcagagga cgtctctatg ccggtgactg gacatatcac 1131

cttacttta atccgtcctg tttagcgact tcagteaact acagctgagt ccataggcca 1191

gaaagacaat aaatttttat ctttttgaaa taa 1224

<210> 67

<211> 323

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 67

Met Asp Ser Lys His Gln Cys Val Lys Leu Asn Asp Gly His Phe Met
 1 5 10 15

Pro Val Leu Gly Phe Gly Thr Tyr Ala Pro Pro Glu Val Pro Arg Ser
 20 25 30

Lys Ala Leu Glu Val Thr Lys Leu Ala Ile Glu Ala Gly Phe Arg His
 35 40 45

Ile Asp Ser Ala His Leu Tyr Asn Asn Glu Glu Gln Val Gly Leu Ala
 50 55 60

Ile Arg Ser Lys Ile Ala Asp Gly Ser Val Lys Arg Glu Asp Ile Phe
 65 70 75 80

Tyr Thr Ser Lys Leu Trp Ser Thr Phe His Arg Pro Glu Leu Val Arg
 85 90 95

Pro	Ala	Leu	Glu	Asn	Ser	Leu	Lys	Lys	Ala	Gln	Leu	Asp	Tyr	Val	Asp			
			100					105					110					
Leu	Tyr	Leu	Ile	His	Ser	Pro	Met	Ser	Leu	Lys	Pro	Gly	Glu	Glu	Leu			
		115					120					125						
Ser	Pro	Thr	Asp	Glu	Asn	Gly	Lys	Val	Ile	Phe	Asp	Ile	Val	Asp	Leu			
	130					135					140							
Cys	Thr	Thr	Trp	Glu	Ala	Met	Glu	Lys	Cys	Lys	Asp	Ala	Gly	Leu	Ala			
145					150					155					160			
Lys	Ser	Ile	Gly	Val	Ser	Asn	Phe	Asn	Arg	Arg	Gln	Leu	Glu	Met	Ile			
				165					170					175				
Leu	Asn	Lys	Pro	Gly	Leu	Lys	Tyr	Lys	Pro	Val	Cys	Asn	Gln	Val	Glu			
			180					185					190					
Cys	His	Pro	Tyr	Phe	Asn	Arg	Ser	Lys	Leu	Leu	Asp	Phe	Cys	Lys	Ser			
		195					200					205						
Lys	Asp	Ile	Val	Leu	Val	Ala	Tyr	Ser	Ala	Leu	Gly	Ser	Gln	Arg	Asp			
	210					215					220							
Lys	Arg	Trp	Val	Asp	Pro	Asn	Ser	Pro	Val	Leu	Leu	Glu	Asp	Pro	Val			
225					230					235					240			
Leu	Cys	Ala	Leu	Ala	Lys	Lys	His	Lys	Arg	Thr	Pro	Ala	Leu	Ile	Ala			
				245					250					255				
Leu	Arg	Tyr	Gln	Leu	Gln	Arg	Gly	Val	Val	Val	Leu	Ala	Lys	Ser	Tyr			
			260					265					270					
Asn	Glu	Gln	Arg	Ile	Arg	Gln	Asn	Val	Gln	Val	Phe	Glu	Phe	Gln	Leu			
		275				280						285						

Thr	Ala	Glu	Asp	Met	Lys	Ala	Ile	Asp	Gly	Leu	Asp	Arg	Asn	Leu	His
290						295					300				

Tyr	Phe	Asn	Ser	Asp	Ser	Phe	Ala	Ser	His	Pro	Asn	Tyr	Pro	Tyr	Ser
305					310					315					320

Asp Glu Tyr

<210> 68
 <211> 1715
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens

<220>
 <221> CDS
 <222> (37)..(591)
 <223>

<400>	68																
ccgtgctctg	cctcctgtgt	tccagggact	ttgaac	atg	tcg	ggg	atc	gcc	ctc								54
				Met	Ser	Gly	Ile	Ala	Leu								
				1				5									

agc	aga	ctc	gcc	cag	gag	agg	aaa	gca	tgg	agg	aaa	gac	cac	cca	ttt	102
Ser	Arg	Leu	Ala	Gln	Glu	Arg	Lys	Ala	Trp	Arg	Lys	Asp	His	Pro	Phe	
			10					15					20			

ggc	ttc	gtg	gct	gtc	cca	aca	aaa	aat	ccc	gat	ggc	acg	atg	aac	ctc	150
Gly	Phe	Val	Ala	Val	Pro	Thr	Lys	Asn	Pro	Asp	Gly	Thr	Met	Asn	Leu	
		25					30					35				

atg	aac	tgg	gag	tgc	gcc	att	cca	gga	aag	aaa	ggg	act	ccg	tgg	gaa	198
Met	Asn	Trp	Glu	Cys	Ala	Ile	Pro	Gly	Lys	Lys	Gly	Thr	Pro	Trp	Glu	
	40					45					50					

gga	ggc	ttg	ttt	aaa	cta	cgg	atg	ctt	ttc	aaa	gat	gat	tat	cca	tct	246
Gly	Gly	Leu	Phe	Lys	Leu	Arg	Met	Leu	Phe	Lys	Asp	Asp	Tyr	Pro	Ser	
55					60					65					70	

tcg	cca	cca	aaa	tgt	aaa	ttc	gaa	cca	cca	tta	ttt	cac	ccg	aat	gtg	294
Ser	Pro	Pro	Lys	Cys	Lys	Phe	Glu	Pro	Pro	Leu	Phe	His	Pro	Asn	Val	
				75					80					85		

tac	cct	tcg	ggg	aca	gtg	tgc	ctg	tcc	atc	tta	gag	gag	gac	aag	gac	342
Tyr	Pro	Ser	Gly	Thr	Val	Cys	Leu	Ser	Ile	Leu	Glu	Glu	Asp	Lys	Asp	
			90					95					100			

tgg agg cca gcc atc aca atc aaa cag atc cta tta gga ata cag gaa	390
Trp Arg Pro Ala Ile Thr Ile Lys Gln Ile Leu Leu Gly Ile Gln Glu	
105 110 115	
ctt cta aat gaa cca aat atc caa gac cca gct caa gca gag gcc tac	438
Leu Leu Asn Glu Pro Asn Ile Gln Asp Pro Ala Gln Ala Glu Ala Tyr	
120 125 130	
acg att tac tgg tta gta gca gcc ctg gcc ccg ctg gtg gca gct cct	486
Thr Ile Tyr Trp Leu Val Ala Ala Leu Ala Pro Leu Val Ala Ala Pro	
135 140 145 150	
ccc cgt ccc agc caa ggc cgc ctg gca gga cgg gag tgg agc aca cag	534
Pro Arg Pro Ser Gln Gly Arg Leu Ala Gly Arg Glu Trp Ser Thr Gln	
155 160 165	
gct cac cct agg gac agc cag ggt ccg cgc ctc tgt ggg gaa ggt cgg	582
Ala His Pro Arg Asp Ser Gln Gly Pro Arg Leu Cys Gly Glu Gly Arg	
170 175 180	
ggg gca taa accctgttggg cagcaggcac cgttgcacac cgtctgcggg	631
Gly Ala	
gggcatggat ggcgccggag ccgtgtccag gggagggagc aggccagggtg acaggggctg	691
tcttggggcca ctgccccagt gagttgtggc cagctaggag gggaaggacc ctgggcgtgg	751
gtgccagagg aggccatgct gagaggcctc tccaccgggt cagcctcccg tggaccccag	811
cctcccgcgc cggccttgct gcttgteccc atcccctcta caacttgggt ccttctgtgg	871
ggggggcccag cccagcaggg ctcagtgaac tgatgctgtc aacaggaccc tgggcttcca	931
ccctgtccct gtgagggtgct gctgtggcta gaagggtccc cgtgggcctg gggtcctgtc	991
tgcaccgagg agggcctgggt gtgagttagg atgcagacga cagccaaaaca gtgctgggga	1051
aagcaggggag gaccctgccc tgagcagagg ccattgcgcc gcctgtcctg ttccctctgc	1111
agctgttctg ggcagggtcca taagaagggt gggttggggcc tccgaccccc actgctccgc	1171
ctgcagggtt gagaaacca gcccattctc accacgggtc cccacacctc tgaggaggtc	1231
tcaggggccc caatggccag ggaccagaa ggctcacctg cagccacccc acacatccct	1291
gccactgtgg gcatcagagg cctcttccct ccagggtgca tctcctgggtc aggagggggg	1351
aggcccgggtt gccttaggcc cggcctgcac aggtcgtgag gaaaagcacc tggtttcggc	1411

```

cggggcgcgggt ggctcacgct tgtaatccca gcactttggg aggccgagggt gggcgaatca 1471
tgcgggtcagg agttcgagac cagcctggcc aacatggcga aacctcgctc cctactaaaa 1531
atacaaaaaa ttagttgggc gtagtgggtgg gtgcctctaa tcccagctac ctgggaggct 1591
gagacaggag aatcacttga acccgggagg cggagggttgc agtgagccga gatcctgcca 1651
ctgctctcca gcctggcgac ggaggaatgc tgtctcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1711
aaaaa 1715

```

```

<210> 69
<211> 184
<212> PRT
<213> Homo sapiens

<400> 69

```

```

Met Ser Gly Ile Ala Leu Ser Arg Leu Ala Gln Glu Arg Lys Ala Trp
1          5          10          15

```

```

Arg Lys Asp His Pro Phe Gly Phe Val Ala Val Pro Thr Lys Asn Pro
          20          25          30

```

```

Asp Gly Thr Met Asn Leu Met Asn Trp Glu Cys Ala Ile Pro Gly Lys
          35          40          45

```

```

Lys Gly Thr Pro Trp Glu Gly Gly Leu Phe Lys Leu Arg Met Leu Phe
50          55          60

```

```

Lys Asp Asp Tyr Pro Ser Ser Pro Pro Lys Cys Lys Phe Glu Pro Pro
65          70          75          80

```

```

Leu Phe His Pro Asn Val Tyr Pro Ser Gly Thr Val Cys Leu Ser Ile
          85          90          95

```

```

Leu Glu Glu Asp Lys Asp Trp Arg Pro Ala Ile Thr Ile Lys Gln Ile
          100          105          110

```

```

Leu Leu Gly Ile Gln Glu Leu Leu Asn Glu Pro Asn Ile Gln Asp Pro

```

Ala Gln Ala Glu Ala Tyr Thr Ile Tyr Trp Leu Val Ala Ala Leu Ala
 130 135 140

Pro Leu Val Ala Ala Pro Pro Arg Pro Ser Gln Gly Arg Leu Ala Gly
 145 150 155 160

Arg Glu Trp Ser Thr Gln Ala His Pro Arg Asp Ser Gln Gly Pro Arg
 165 170 175

Leu Cys Gly Glu Gly Arg Gly Ala
 180

<210> 70

<211> 1327

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (100)..(966)

<223>

<400> 70

ctcctctccg cgcgggggcgg gctccgcgcc acgtgactcc gcggccgggc cgggacgcga 60

cgggacgcgc tgggaccggc gtcgggggtc gcggggacc atg cag cgg agg tgg 114

Met Gln Arg Arg Trp

1

5

gtc ttc gtg ctg ctc gac gtg ctg tgc tta ctg gtc gcc tcc ctg ccc 162

Val Phe Val Leu Leu Asp Val Leu Cys Leu Leu Val Ala Ser Leu Pro
 10 15 20

ttc gct atc ctg acg ctg gtg aac gcc ccg tac aag cga gga ttt tac 210

Phe Ala Ile Leu Thr Leu Val Asn Ala Pro Tyr Lys Arg Gly Phe Tyr
 25 30 35

tgc ggg gat gac tcc atc cgg tac ccc tac cgt cca gat acc atc acc 258

Cys Gly Asp Asp Ser Ile Arg Tyr Pro Tyr Arg Pro Asp Thr Ile Thr
 40 45 50

cac ggg ctc atg gct ggg gtc acc atc acg gcc acc gtc atc ctt gtc 306

His Gly Leu Met Ala Gly Val Thr Ile Thr Ala Thr Val Ile Leu Val

55					60					65										
t c g	g c c	g g g	g a a	g c c	t a c	c t g	g t g	t a c	a c a	g a c	c g g	c t c	t a t	t c t	c g c	354				
Ser	Ala	Gly	Glu	Ala	Tyr	Leu	Val	Tyr	Thr	Asp	Arg	Leu	Tyr	Ser	Arg					
70					75					80					85					
t c g	g a c	t t c	a a c	a a c	t a c	g t g	g c t	g c t	g t a	t a c	a a g	g t g	c t g	g g g	a c c	402				
Ser	Asp	Phe	Asn	Asn	Tyr	Val	Ala	Ala	Val	Tyr	Lys	Val	Leu	Gly	Thr					
				90					95					100						
t t c	c t g	t t t	g g g	g c t	g c c	g t g	a g c	c a g	t c t	c t g	a c a	g a c	c t g	g c c	a a g	450				
Phe	Leu	Phe	Gly	Ala	Ala	Val	Ser	Gln	Ser	Leu	Thr	Asp	Leu	Ala	Lys					
			105					110					115							
t a c	a t g	a t t	g g g	c g t	c t g	a g g	c c c	a a c	t t c	c t a	g c c	g t c	t g c	g a c	c c c	498				
Tyr	Met	Ile	Gly	Arg	Leu	Arg	Pro	Asn	Phe	Leu	Ala	Val	Cys	Asp	Pro					
		120					125					130								
g a c	t g g	a g c	c g g	g t c	a a c	t g c	t c g	g t c	t a t	g t g	c a g	c t g	g a g	a a g	g t g	546				
Asp	Trp	Ser	Arg	Val	Asn	Cys	Ser	Val	Tyr	Val	Gln	Leu	Glu	Lys	Val					
	135					140					145									
t g c	a g g	g g a	a a c	c c t	g c t	g a t	g t c	a c c	g a g	g c c	a g g	t t g	t c t	t t c	t a c	594				
Cys	Arg	Gly	Asn	Pro	Ala	Asp	Val	Thr	Glu	Ala	Arg	Leu	Ser	Phe	Tyr					
150					155					160					165					
t c g	g g a	c a c	t c t	t c c	t t t	g g g	a t g	t a c	t g c	a t g	g t g	t t c	t t g	g c g	c t g	642				
Ser	Gly	His	Ser	Ser	Phe	Gly	Met	Tyr	Cys	Met	Val	Phe	Leu	Ala	Leu					
				170					175				180							
t a t	g t g	c a g	g c a	c g a	c t c	t g t	t g g	a a g	t g g	g c a	c g g	c t g	c t g	c g a	c c c	690				
Tyr	Val	Gln	Ala	Arg	Leu	Cys	Trp	Lys	Trp	Ala	Arg	Leu	Leu	Arg	Pro					
			185					190					195							
a c a	g t c	c a g	t t c	t t c	c t g	g t g	g c c	t t t	g c c	c t c	t a c	g t g	g g c	t a c	a c c	738				
Thr	Val	Gln	Phe	Phe	Leu	Val	Ala	Phe	Ala	Leu	Tyr	Val	Gly	Tyr	Thr					
		200					205					210								
c g c	g t g	t c t	g a t	t a c	a a a	c a c	c a c	t g g	a g c	g a t	g t c	c t t	g t t	g g c	c t c	786				
Arg	Val	Ser	Asp	Tyr	Lys	His	His	Trp	Ser	Asp	Val	Leu	Val	Gly	Leu					
	215					220					225									
c t g	c a g	g g g	g c a	c t g	g t g	g c t	g c c	c t c	a c t	g t c	t g c	t a c	a t c	t c a	g a c	834				
Leu	Gln	Gly	Ala	Leu	Val	Ala	Ala	Leu	Thr	Val	Cys	Tyr	Ile	Ser	Asp					
230					235					240					245					
t t c	t t c	a a a	g c c	c g a	c c c	c c a	c a g	c a c	t g t	c t g	a a g	g a g	g a g	g a g	c t g	882				
Phe	Phe	Lys	Ala	Arg	Pro	Pro	Gln	His	Cys	Leu	Lys	Glu	Glu	Glu	Leu					
				250					255					260						

gaa	cgg	aag	ccc	agc	ctg	tca	ctg	acg	ttg	acc	ctg	ggc	gag	gct	gac	930
Glu	Arg	Lys	Pro	Ser	Leu	Ser	Leu	Thr	Leu	Thr	Leu	Gly	Glu	Ala	Asp	
			265					270					275			

cac	aac	cac	tat	gga	tac	ccg	cac	tcc	tcc	tcc	tga	ggccggaccc	976
His	Asn	His	Tyr	Gly	Tyr	Pro	His	Ser	Ser	Ser			
		280					285						

cgcccaggca	gggagctgct	gtgagtcag	ctgaggccca	cccagggtggt	ccctccagcc	1036
ctggtttaggc	actgagggct	ctggacgggc	tccaggaacc	ctgggctgat	gggagcagtg	1096
agcgggctcc	gctgccccct	gccctgcact	ggaccaggag	tctggagatg	cctgggtagc	1156
cctcagcatt	tggaggggaa	cctgttcccg	tgggtcccca	aatatccct	tctttttatg	1216
gggttaagga	agggaccgag	agatcagata	gttgcctgtt	tgtaaaatgt	aatgtatatg	1276
tggttttttag	taaaataggg	cacctgtttc	acaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	a	1327

<210> 71
 <211> 288
 <212> PRT
 <213> Homo sapiens

<400> 71

Met	Gln	Arg	Arg	Trp	Val	Phe	Val	Leu	Leu	Asp	Val	Leu	Cys	Leu	Leu
1				5					10				15		

Val	Ala	Ser	Leu	Pro	Phe	Ala	Ile	Leu	Thr	Leu	Val	Asn	Ala	Pro	Tyr
			20					25					30		

Lys	Arg	Gly	Phe	Tyr	Cys	Gly	Asp	Asp	Ser	Ile	Arg	Tyr	Pro	Tyr	Arg
		35					40					45			

Pro	Asp	Thr	Ile	Thr	His	Gly	Leu	Met	Ala	Gly	Val	Thr	Ile	Thr	Ala
	50					55					60				

Thr	Val	Ile	Leu	Val	Ser	Ala	Gly	Glu	Ala	Tyr	Leu	Val	Tyr	Thr	Asp
65					70					75					80

Arg	Leu	Tyr	Ser	Arg	Ser	Asp	Phe	Asn	Asn	Tyr	Val	Ala	Ala	Val	Tyr
				85					90					95	

Lys	Val	Leu	Gly	Thr	Phe	Leu	Phe	Gly	Ala	Ala	Val	Ser	Gln	Ser	Leu	100	105	110
Thr	Asp	Leu	Ala	Lys	Tyr	Met	Ile	Gly	Arg	Leu	Arg	Pro	Asn	Phe	Leu	115	120	125
Ala	Val	Cys	Asp	Pro	Asp	Trp	Ser	Arg	Val	Asn	Cys	Ser	Val	Tyr	Val	130	135	140
Gln	Leu	Glu	Lys	Val	Cys	Arg	Gly	Asn	Pro	Ala	Asp	Val	Thr	Glu	Ala	145	150	155
Arg	Leu	Ser	Phe	Tyr	Ser	Gly	His	Ser	Ser	Phe	Gly	Met	Tyr	Cys	Met	165	170	175
Val	Phe	Leu	Ala	Leu	Tyr	Val	Gln	Ala	Arg	Leu	Cys	Trp	Lys	Trp	Ala	180	185	190
Arg	Leu	Leu	Arg	Pro	Thr	Val	Gln	Phe	Phe	Leu	Val	Ala	Phe	Ala	Leu	195	200	205
Tyr	Val	Gly	Tyr	Thr	Arg	Val	Ser	Asp	Tyr	Lys	His	His	Trp	Ser	Asp	210	215	220
Val	Leu	Val	Gly	Leu	Leu	Gln	Gly	Ala	Leu	Val	Ala	Ala	Leu	Thr	Val	225	230	235
Cys	Tyr	Ile	Ser	Asp	Phe	Phe	Lys	Ala	Arg	Pro	Pro	Gln	His	Cys	Leu	245	250	255
Lys	Glu	Glu	Glu	Leu	Glu	Arg	Lys	Pro	Ser	Leu	Ser	Leu	Thr	Leu	Thr	260	265	270
Leu	Gly	Glu	Ala	Asp	His	Asn	His	Tyr	Gly	Tyr	Pro	His	Ser	Ser	Ser	275	280	285

<210> 72
<211> 2980
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (274)..(519)
<223>

<220>
<221> misc-feature
<222> (2974)..(2974)
<223> n = a, t, g or c

<400> 72
ggccgctcct gctgctgcta ctgccgccgc cgcagcggct gctcgggctg agcacgcccc 60
ggaacaggcc gccgcgcgct gcgcgccgga cccgctgccc ctgccggccc ggccgggtcg 120
ggcggcccag ggaccgacag acttgacaac ggtgacagca ctggggcggc accttcctac 180
ttctgcccag ccacagccct cccctcacag ttgagcacct gtttgacctga agttaatttc 240
cagaagcagg agtccccaga gccaggcagg ggg atg aac cgc gag gga gct ccc 294
Met Asn Arg Glu Gly Ala Pro
1 5
ggg aag agt ccg gag gag atg tac att cag cag aag gtc cga gtg ctg 342
Gly Lys Ser Pro Glu Glu Met Tyr Ile Gln Gln Lys Val Arg Val Leu
10 15 20
ctc atg ctg cgg aag atg gga tca aac ctg aca gcc agc gag gag gag 390
Leu Met Leu Arg Lys Met Gly Ser Asn Leu Thr Ala Ser Glu Glu Glu
25 30 35
ttc ctg cgc acc tat gca ggg gtg gtc aac agc cag ctc agc cag ctg 438
Phe Leu Arg Thr Tyr Ala Gly Val Val Asn Ser Gln Leu Ser Gln Leu
40 45 50 55
cct ccg cac tcc atc gac cag ggt gca gag gac gtg gtg atg gcg ttt 486
Pro Pro His Ser Ile Asp Gln Gly Ala Glu Asp Val Val Met Ala Phe
60 65 70
tcc agg tcg gag acg gaa gac cgg agg cag tag ctgcaaagcc cttggaacac 539
Ser Arg Ser Glu Thr Glu Asp Arg Arg Gln
75 80
cctggatgct gttgaagggc caagagatct gtgtggctcc tgggccggct gaatggcagc 599

agccccccctt gccccacctc ccccttccct acccaaccct gccctgcccc accccacctc	659
acagctactc agtggggctg gcatcaaggg agacaccagt ggtgcgttta taattggctt	719
aaagggatgg acttgtgatt ggctgcagga agaaaactttt ttatttttta aatcttgacc	779
aacagaaacc ttttattttt atttctgact cttatttttt aaaaaatttg cgcctcggta	839
tctggcttcc ctggaagctc tccgagctct ggtgcttttag ttaggtcatt tttttagaaa	899
tgtgaagagg tctgattggc tgcttaaaact ggaaaggggac tgtgattggc tggttaatgg	959
gaaacggttt ttttcttttg ctgcagggtgt tctgctgata tcaacagctt ccctattttg	1019
aatgcagaaa acagggctctg ggacattagt cgttatattt gacttgaaaa gaaagaaaacc	1079
aagtgcgctt tgcaatatatt attacacaaa gaacttgctg ctgccttcac atttgggggtt	1139
tgtgtttgat tggctttcga tgcgtgtgtt tggtttccca ttggttcacc tgtgactcct	1199
gttgccatgg attcaccccc ctctgctgcc ggctctgggc ctgaggggtcc acctggagag	1259
tacatttgct ttaatgagtg cacctgccctc caccagcaag gggaccccgga gaaccttgag	1319
cagggctccac agctggaaaag ttggggccctt gaggagcttt gtgtcgtctt gaacgagcag	1379
cccagggcct agaggtaacc gttaggcggg atttatgtgc actgcctgca tgagctggca	1439
accagccagc gtcccttgggt gaaaaaggga ttgctgagge accgtccagg ccccacccggc	1499
caggccgcgc ccagcagagg cgtactacc cagctctgtcc tcttggccat ctttctgtgt	1559
accacttccct gaggcctcat tttgggggtc atcttggaaa ggggaggagc ttctcccagt	1619
gtgagacccc aaagactctg gaggtcatct ggcggagggtc tctgggagcc cagaaccac	1679
ataaaagccc cagcttggct cacaaggccc aggagacctc cagctaaaca ccaacccctg	1739
acctacccca gccaggctcc tacttgtctg ctgccagcac agtaggtccc ggccagctct	1799
ggagtctctc catcggaggc ccatgccctc cactccactg cctttggaag ggtctctctc	1859
caggtcagcc tggaaggggac agtatcgttt gtttatgaaa tgccactggg acagctggct	1919
gggccttcac caagcaagtc ccttcagact ggcccttaag ccaaaactcag gcccagaatt	1979
gcagttcaga atggcagtc tggaggcagg gggtgagggg caggcttagt gttcctgcac	2039
caaacctaag tccttcacc tgccaccccc ttccctggga gggagggtgt cctcctatct	2099

```

ccctggctca ctggcaggtg tgggatctgg ggagagcggc tggagaaaga tgcagtcctc 2159
aggaaggggg cegccaccct cccctatgct ggtagatgct gagggcccta ggtgcccagg 2219
gccagtggga cctctcaga accaaatctt tcccccttct cggggcttgg ggctcgggcc 2279
gtaggggctc ctgagtgtca tgaagtgcac aggagccaaa tgaccgagcc ctggagagcc 2339
ccatggtggg taggtgggtc gtgctgtgct ctggcaccat cagcctgttc cagaaggagg 2399
attcgagcat caggctaaga cctgtgtgcc tccaccatgc actcaccctt agccctgggt 2459
agctgacagt cagctgtggg gaacacagct acaaccctac cctggcaggg acctgagagc 2519
atctcaggag gggcagcgca tgtgtgcatg tgctgtgtga gtgagcacac ccgtgtgcac 2579
actcatacac atgtgcacac acacgcactc tccccgctca ggggcctgga ggtctggctg 2639
agcccttggg gaaagggtgag ttctttcatt tccctcctcc aggtcggagt gcctggagtc 2699
agggtgtcgag gccacattgc tggctgcccc ctctttgtag ctctataaaa gggcccacac 2759
ctggtggata cctgggttgag cgtgtgggtc ctgccccagc ctgtccttgt caccatcaca 2819
ggccttgctt ttgtaacaat gatgaccccg gcctgtctca tcttctgaag aggaaaagtc 2879
aaagtgttgc tgtggctcca tatttcaact aaaaatatat ctgttggaga aagaaattaa 2939
caataaagaa ttttcatagg ttaaaaaaaa aaaaanaaaaa g 2980

```

```

<210> 73
<211> 81
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

```

<400> 73

```

```

Met Asn Arg Glu Gly Ala Pro Gly Lys Ser Pro Glu Glu Met Tyr Ile
1          5          10          15

```

```

Gln Gln Lys Val Arg Val Leu Leu Met Leu Arg Lys Met Gly Ser Asn
20          25          30

```

```

Leu Thr Ala Ser Glu Glu Glu Phe Leu Arg Thr Tyr Ala Gly Val Val
35          40          45

```

Asn Ser Gln Leu Ser Gln Leu Pro Pro His Ser Ile Asp Gln Gly Ala
50 55 60

Glu Asp Val Val Met Ala Phe Ser Arg Ser Glu Thr Glu Asp Arg Arg
65 70 75 80

Gln

<210> 74
<211> 2153
<212> DNA
<213> Homo sapiens

<220>
<221> CDS
<222> (589)..(1356)
<223>

<400> 74
cagcggccgg gagggggctc cggggaccat ggggctcctg accattctga agaagatgaa 60
gcagaaagag cgggagctgc gactgctcat gcttggcctg gacaatgctg gaaagacaac 120
cctcctgaag aagttcaatg gggaggacat cgacaccatc tccccaacgc tgggcttcaa 180
catcaagacc ctggagcacc gaggattcaa gctgaacatc tgggatgttg gtggccagaa 240
gtccctgcgg tcctactggc ggaactactt tgagagcacc gatggcctca tctgggtagt 300
ggacagcgca gaccggcagc gcatgcagga ctgccagcgg gagctccaga gcctgctggg 360
ggaggagtga cctgggttta cgcttcacca cagagaagga acttttcaga cgctcccttg 420
gccgcgcacc cgggatcggg acagcgtgt cacttgcgac aaaatcccta ggccagagga 480
agaagagcgc aggcctgggc gaggcggcgg cgggcggagg ctgggccgga ggggtgggga 540
cggcgaggag gtggaggccg gcgctccgct ccgctccagc tcggtttc atg tcc cgc 597
Met Ser Arg
1

cag gcg aag gat gac ttc ctg cgg cac tac aca gtg tcg gac ccc agg 645
Gln Ala Lys Asp Asp Phe Leu Arg His Tyr Thr Val Ser Asp Pro Arg
5 10 15

act	cac	ccc	aag	ggc	tac	acc	gag	tac	aaa	gta	acc	gcg	cag	ttc	atc	693
Thr	His	Pro	Lys	Gly	Tyr	Thr	Glu	Tyr	Lys	Val	Thr	Ala	Gln	Phe	Ile	
20					25					30					35	
tca	aag	aag	gac	cca	gag	gat	gtc	aaa	gag	gtg	gtg	gtc	tgg	aag	cgg	741
Ser	Lys	Lys	Asp	Pro	Glu	Asp	Val	Lys	Glu	Val	Val	Val	Trp	Lys	Arg	
				40					45					50		
tac	agc	gac	ttc	cgc	aag	ctg	cat	gga	gac	ctg	gcc	tac	acc	cac	cgc	789
Tyr	Ser	Asp	Phe	Arg	Lys	Leu	His	Gly	Asp	Leu	Ala	Tyr	Thr	His	Arg	
			55					60					65			
aac	ctc	ttc	cgc	cgc	ctc	gag	gag	ttc	cct	gct	ttc	ccc	cgg	gcc	cag	837
Asn	Leu	Phe	Arg	Arg	Leu	Glu	Glu	Phe	Pro	Ala	Phe	Pro	Arg	Ala	Gln	
		70						75				80				
gtg	ttt	ggc	cgg	ttt	gaa	gcc	tca	gtg	atc	gag	gag	cgg	cga	aag	ggg	885
Val	Phe	Gly	Arg	Phe	Glu	Ala	Ser	Val	Ile	Glu	Glu	Arg	Arg	Lys	Gly	
	85					90					95					
gca	gag	gac	ctg	ctt	cgc	ttc	act	gtg	cac	ata	cct	gcg	ctc	aac	aac	933
Ala	Glu	Asp	Leu	Leu	Arg	Phe	Thr	Val	His	Ile	Pro	Ala	Leu	Asn	Asn	
100					105					110					115	
agc	ccc	cag	ctc	aag	gag	ttc	ttc	cgg	ggt	ggg	gag	gtg	acc	cga	ccc	981
Ser	Pro	Gln	Leu	Lys	Glu	Phe	Phe	Arg	Gly	Gly	Glu	Val	Thr	Arg	Pro	
				120					125					130		
ttg	gag	gtg	tcc	agg	gac	cta	cac	atc	ctg	cca	ccc	cct	ctg	atc	ccc	1029
Leu	Glu	Val	Ser	Arg	Asp	Leu	His	Ile	Leu	Pro	Pro	Pro	Leu	Ile	Pro	
			135					140					145			
acc	cgg	ccc	cct	gat	gac	ccc	cgg	cta	tcc	caa	ctg	ctc	cct	gca	gaa	1077
Thr	Pro	Pro	Pro	Asp	Asp	Pro	Arg	Leu	Ser	Gln	Leu	Leu	Pro	Ala	Glu	
		150					155					160				
agg	agg	ggc	ctc	gag	gaa	ttg	gag	gtg	cca	gtg	gac	ccc	cca	cca	tcc	1125
Arg	Arg	Gly	Leu	Glu	Glu	Leu	Glu	Val	Pro	Val	Asp	Pro	Pro	Pro	Ser	
	165					170					175					
agc	cct	gcc	cag	gag	gcc	ctg	gat	ctc	ctc	ttt	aac	tgt	gag	agc	acc	1173
Ser	Pro	Ala	Gln	Glu	Ala	Leu	Asp	Leu	Leu	Phe	Asn	Cys	Glu	Ser	Thr	
180					185					190					195	
gag	gag	gca	tct	ggt	tcc	cct	gcc	cga	ggc	ccc	ctc	acc	gag	gct	gag	1221
Glu	Glu	Ala	Ser	Gly	Ser	Pro	Ala	Arg	Gly	Pro	Leu	Thr	Glu	Ala	Glu	
				200					205					210		
ctt	gcc	ctc	ttc	gac	ccc	ttc	tcc	aag	ggt	gac	cgg	ttg	cct	gcc	cgc	1269
Leu	Ala	Leu	Phe	Asp	Pro	Phe	Ser	Lys	Gly	Asp	Pro	Leu	Pro	Ala	Arg	

215

220

225

cag gaa ggt gtg aag aag aag gca gct gag tac ctg aag cgg gca gag 1317
 Gln Glu Gly Val Lys Lys Lys Ala Ala Glu Tyr Leu Lys Arg Ala Glu
 230 235 240

gag atc ctg cgc ctg cac ctg tct caa ctc cca ccc taa cagggagtgg 1366
 Glu Ile Leu Arg Leu His Leu Ser Gln Leu Pro Pro
 245 250 255

gccattccct gggactctca ctcctgcact gccagccctt tctcctctcc ccagggcctg 1426

gccctacctc ctggctcttg aattacagga gccatttctg taggtaactg gaccaagaat 1486

gagaaaaata atgaattctt agctccctga ttacacctgc cacccttgaa tccaggactc 1546

acaattctga cctgcctgt ctttttgggg tttttttgag ttggagtctc gctgtgtcgc 1606

ccagactgga gtgcagtggg gggatcgagg ctcactgcaa cctccacctc ccaggttcaa 1666

gcagttctcc tgtctcagcc tccccagtag ctgagattgc aggcacatgc caccacgccc 1726

agctaataatt ttgtattttc agtagggacg gggttacacc atgttggcca ggctggctctc 1786

gaactcctga cctcaagtga tccacccgcc tcagtctccc aaagtgctga gattacaggc 1846

atgagtcact acgcccgggc catgtctgtc tgtcttgatg tgtgagcagc agctgtggtc 1906

attaaaccat tagttttacc ctcctagaact ggggtctgca aactcccacc tgcagccaaa 1966

tctggcccac ctctttttta atgtaagggc tgtgagagtg gtttttactt tttttaatga 2026

ttaaaaaaat caaaataata ttctgtgaca atgacagggtg aaatttatat gtgacaagtg 2086

aaaatttatat gaaatttaag agtccataaa taaaatttgt tggaacacaa aaaaaaaaaa 2146

aaaaaaaa 2153

<210> 75

<211> 255

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 75

Met Ser Arg Gln Ala Lys Asp Asp Phe Leu Arg His Tyr Thr Val Ser
 1 5 10 15

Asp Pro Arg Thr His Pro Lys Gly Tyr Thr Glu Tyr Lys Val Thr Ala
20 25 30

Gln Phe Ile Ser Lys Lys Asp Pro Glu Asp Val Lys Glu Val Val Val
35 40 45

Trp Lys Arg Tyr Ser Asp Phe Arg Lys Leu His Gly Asp Leu Ala Tyr
50 55 60

Thr His Arg Asn Leu Phe Arg Arg Leu Glu Glu Phe Pro Ala Phe Pro
65 70 75 80

Arg Ala Gln Val Phe Gly Arg Phe Glu Ala Ser Val Ile Glu Glu Arg
85 90 95

Arg Lys Gly Ala Glu Asp Leu Leu Arg Phe Thr Val His Ile Pro Ala
100 105 110

Leu Asn Asn Ser Pro Gln Leu Lys Glu Phe Phe Arg Gly Gly Glu Val
115 120 125

Thr Arg Pro Leu Glu Val Ser Arg Asp Leu His Ile Leu Pro Pro Pro
130 135 140

Leu Ile Pro Thr Pro Pro Pro Asp Asp Pro Arg Leu Ser Gln Leu Leu
145 150 155 160

Pro Ala Glu Arg Arg Gly Leu Glu Glu Leu Glu Val Pro Val Asp Pro
165 170 175

Pro Pro Ser Ser Pro Ala Gln Glu Ala Leu Asp Leu Leu Phe Asn Cys
180 185 190

Glu Ser Thr Glu Glu Ala Ser Gly Ser Pro Ala Arg Gly Pro Leu Thr
195 200 205

Glu Ala Glu Leu Ala Leu Phe Asp Pro Phe Ser Lys Gly Asp Pro Leu
210 215 220

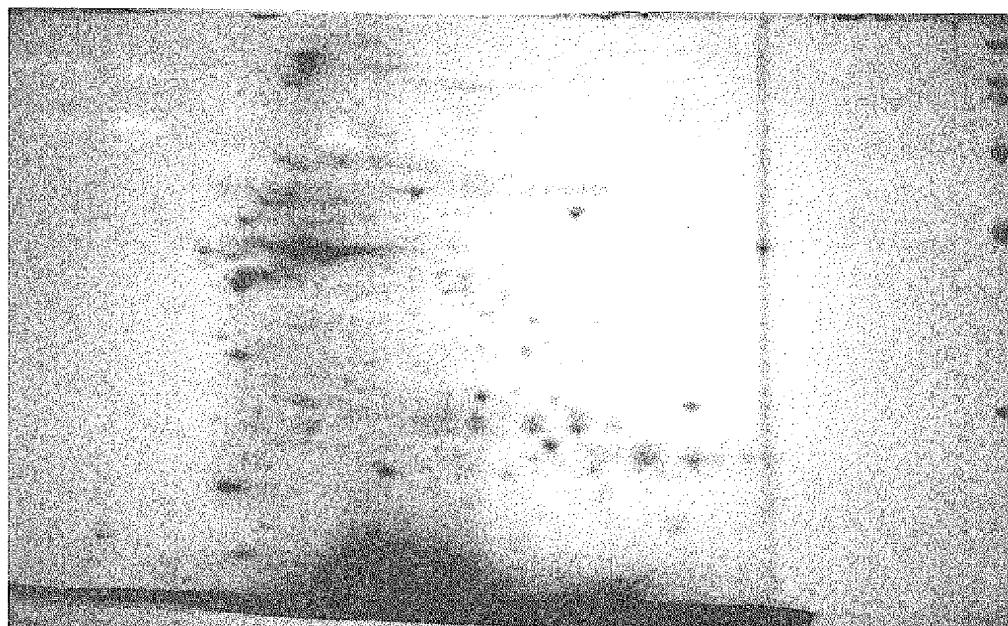
Pro	Ala	Arg	Gln	Glu	Gly	Val	Lys	Lys	Lys	Ala	Ala	Glu	Tyr	Leu	Lys
225					230					235					240

Arg	Ala	Glu	Glu	Ile	Leu	Arg	Leu	His	Leu	Ser	Gln	Leu	Pro	Pro
				245					250					255

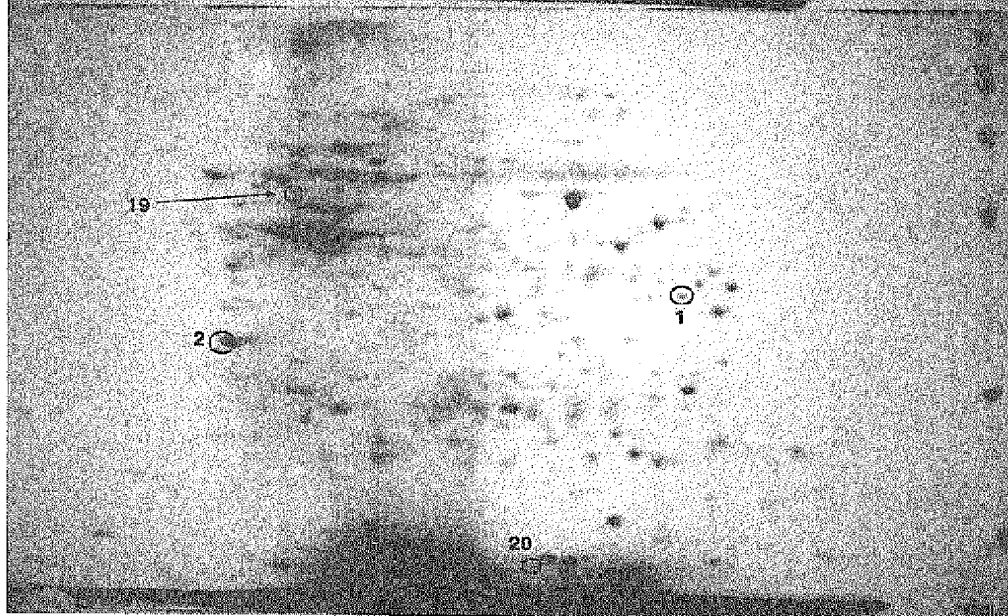
【書類名】 図面

【図 1 A】

Normal



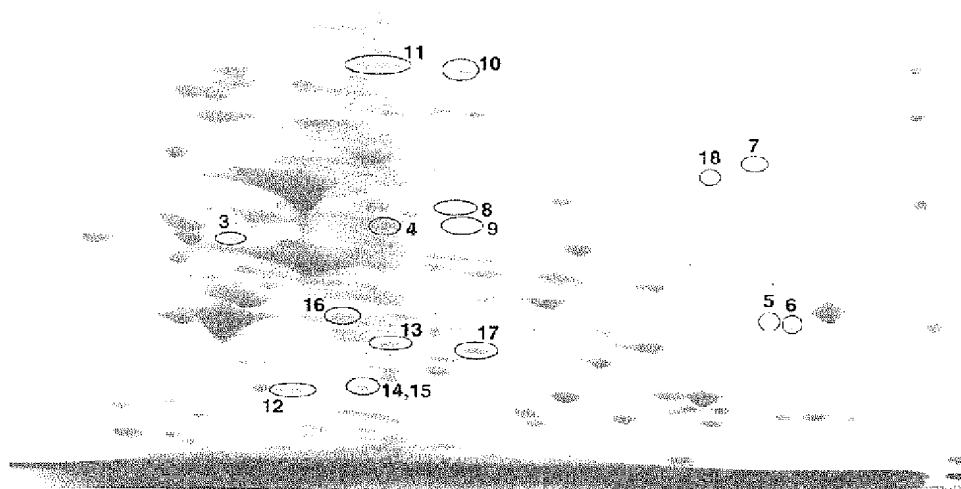
Tumor



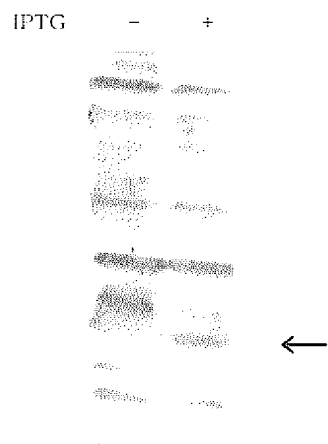
Normal



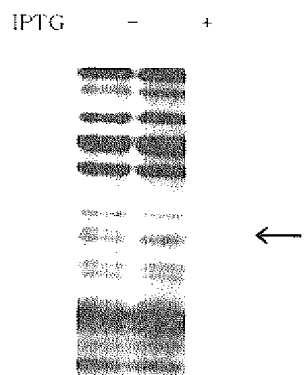
Tumor



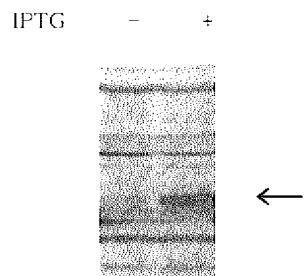
【 図 2 】



【 図 3 】



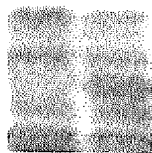
【 図 4 】



【図 5】

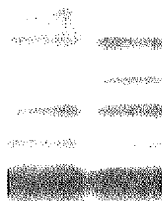
IPTG - +

0.5 μg/ml 1.0 μg/ml

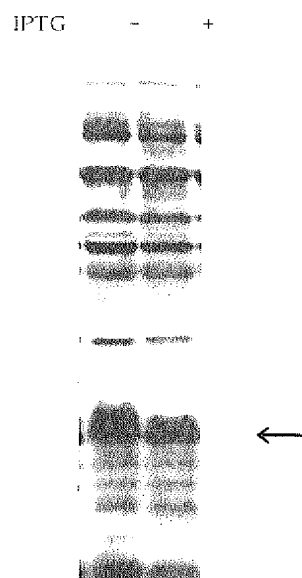


【図 6】

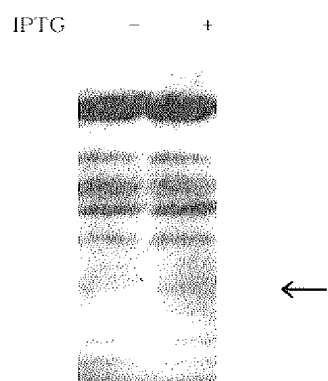
IPTG - +



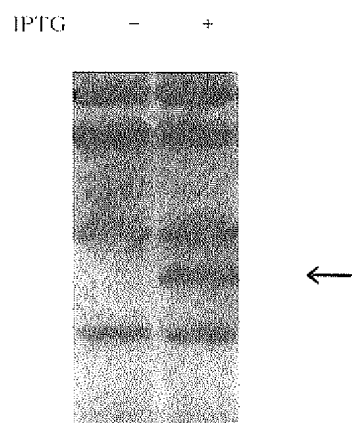
【 図 7 】



【 図 8 】

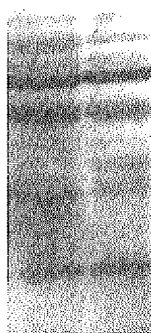


【 図 9 】



【図 1 0】

IPTG - +

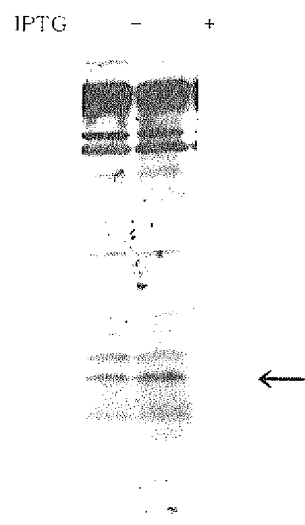


【図 1 1】

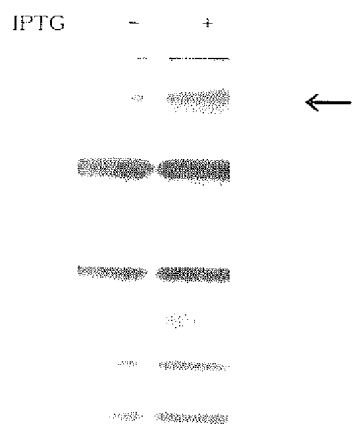
IPTG - +



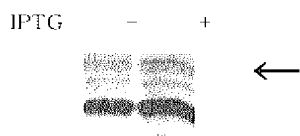
【 図 1 2 】



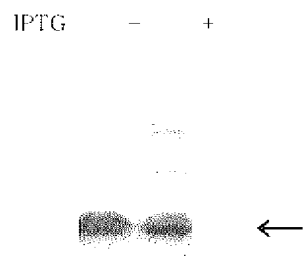
【 図 1 3 】



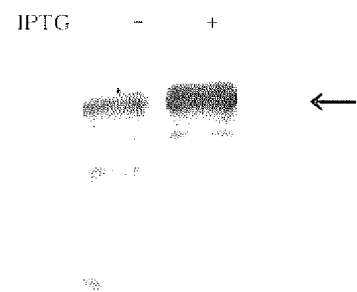
【 図 1 4 】



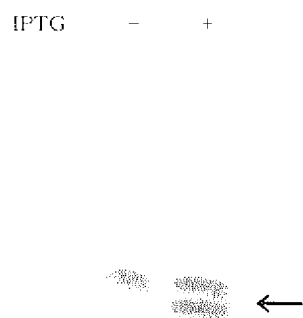
【图 1 5】



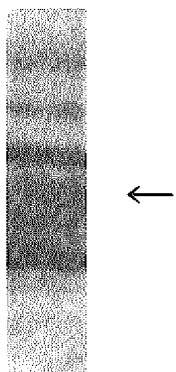
【图 1 6】



【图 1 7】

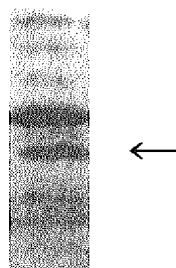


【 図 1 8 】



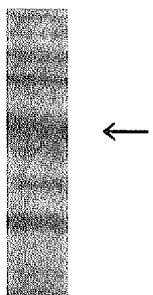
【 図 1 9 】

+



【 図 2 0 】

+



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 新規な固形癌抗原タンパク質、並びに該抗原タンパク質に基づく固形癌診断キット及び固形癌治療剤の提供。

【解決手段】 配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、48、50、52、54、56、59、61、63、65、67、69、71、73 及び 75 からなる群より選択されるアミノ酸配列を有するヒト固形癌抗原ポリペプチド。

【選択図】 なし

【書類名】	出願人名義変更届
【整理番号】	P04-0027
【提出日】	平成17年 3月16日
【あて先】	特許庁長官 殿
【事件の表示】	
【出願番号】	特願2004- 95732
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県市川市若宮 1－13－6
【氏名又は名称】	島田 英昭
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区春日 2－5－10 西千葉ヒルズ春日 405号
【氏名又は名称】	朝長 毅
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区星久喜町 1063－28
【氏名又は名称】	日和佐 隆樹
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区矢作町 540－36
【氏名又は名称】	松下 一之
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市中央区汐見が丘 7－15
【氏名又は名称】	落合 武徳
【承継人】	
【住所又は居所】	千葉県千葉市若葉区都賀の台 1－20－11
【氏名又は名称】	野村 文夫
【承継人代理人】	
【識別番号】	100091096
【弁理士】	
【氏名又は名称】	平木 祐輔
【選任した代理人】	
【識別番号】	100096183
【弁理士】	
【氏名又は名称】	石井 貞次
【選任した代理人】	
【識別番号】	100118773
【弁理士】	
【氏名又は名称】	藤田 節
【選任した代理人】	
【識別番号】	100120905
【弁理士】	
【氏名又は名称】	深見 伸子
【手数料の表示】	
【予納台帳番号】	015244
【納付金額】	4,200円

出願人履歴

5 0 3 3 6 0 1 1 5

20031001

新規登録

埼玉県川口市本町4丁目1番8号

独立行政法人 科学技術振興機構

5 0 3 3 6 0 1 1 5

20040401

名称変更

埼玉県川口市本町4丁目1番8号

独立行政法人科学技術振興機構